PATENT COOPERATION TREATY

From the INTERNATIONAL BUREAU

PCT

NOTIFICATION OF ELECTION

(PCT Rule 61.2)

To:

Assistant Commissioner for Patents
United States Patent and Trademark Office
Box PCT
Washington, D.C.20231
ÉTATS-UNIS D'AMÉRIQUE

in its capacity as elected Office

Date of mailing (day/month/year) 10 November 1999 (10.11.99)	
International application No. PCT/DE99/00722	**Applicant's or agent's file reference** 51570AWOM1XX24-P
International filing date (day/month/year) 09 March 1999 (09.03.99)	**Priority date** (day/month/year) 10 March 1998 (10.03.98)
Applicant SPECHT, Thomas et al	

1. The designated Office is hereby notified of its election made:

 [X] in the demand filed with the International Preliminary Examining Authority on:

 30 September 1999 (30.09.99)

 [] in a notice effecting later election filed with the International Bureau on:

2. The election [X] was

 [] was not

 made before the expiration of 19 months from the priority date or, where Rule 32 applies, within the time limit under Rule 32.2(b).

The International Bureau of WIPO **34, chemin des Colombettes** **1211 Geneva 20, Switzerland**	Authorized officer Antonia Muller
Facsimile No.: (41-22) 740.14.35	Telephone No.: (41-22) 338.83.38

Form PCT/IB/331 (July 1992)

2945758

PCT

WELTORGANISATION FÜR GEISTIGES EIGENTUM
Internationales Büro

INTERNATIONALE ANMELDUNG VERÖFFENTLICHT NACH DEM VERTRAG ÜBER DIE INTERNATIONALE ZUSAMMENARBEIT AUF DEM GEBIET DES PATENTWESENS (PCT)

(51) Internationale Patentklassifikation 6 :
C12N 15/12, C07K 14/47, 16/18, C12N 1/21, 5/10, 15/10, 15/62, 15/70, 15/79, C12Q 1/68, G01N 33/68, A61K 38/17, 48/00

A3

(11) Internationale Veröffentlichungsnummer: WO 99/46375

(43) Internationales Veröffentlichungsdatum: 16. September 1999 (16.09.99)

(21) Internationales Aktenzeichen: PCT/DE99/00722

(22) Internationales Anmeldedatum: 9. März 1999 (09.03.99)

(30) Prioritätsdaten:
198 11 194.0 10. März 1998 (10.03.98) DE

(71) Anmelder *(für alle Bestimmungsstaaten ausser US)*: METAGEN GESELLSCHAFT FÜR GENOMFORSCHUNG MBH [DE/DE]; Ihnestrasse 63, D–14195 Berlin (DE).

(72) Erfinder; und
(75) Erfinder/Anmelder *(nur für US)*: SPECHT, Thomas [DE/DE]; Grabenstrasse 14, D–12209 Berlin (DE). HINZMANN, Bernd [DE/DE]; Parkstrasse 19, D–13127 Berlin (DE). SCHMITT, Armin [DE/DE]; Laubacher Strasse 6/II, D–14197 Berlin (DE). PILARSKY, Christian [DE/DE]; Heinrich–Lange–Strasse 13c, D–01474 Schönfeld (DE). DAHL, Edgar [DE/DE]; Eleonore–Procheska–Strasse 6, D–14480 Potsdam (DE). ROSENTHAL, André [DE/DE]; Koppenplatz 10, D–10115 Berlin (DE).

(81) Bestimmungsstaaten: JP, US, europäisches Patent (AT, BE, CH, CY, DE, DK, ES, FI, FR, GB, GR, IE, IT, LU, MC, NL, PT, SE).

Veröffentlicht
Mit internationalem Recherchenbericht.

(88) Veröffentlichungsdatum des internationalen Recherchenberichts: 6. Juli 2000 (06.07.00)

(54) Title: HUMAN NUCLEIC ACID SEQUENCES FROM PROSTATE TISSUE

(54) Bezeichnung: MENSCHLICHE NUKLEINSÄURESEQUENZEN AUS PROSTATAGEWEBE

(57) Abstract

The invention relates to human nucleic acid sequences – mRNA, cDNA, genomic sequences – of normal prostate tissue which code for gene products or parts thereof, and to their use. The invention also relates to the polypeptides obtainable by way of said sequences and to their use.

(57) Zusammenfassung

Es werden menschliche Nukleinsäurequenzen – mRNA, cDNA, genomische Sequenzen – aus normalem Prostatagewebe, die für Genprodukte oder Teile davon kodieren und deren Verwendung beschrieben. Es werden weiterhin die über die Sequenzen erhältlichen Polypeptide und deren Verwendung beschrieben.

LEDIGLICH ZUR INFORMATION

Codes zur Identifizierung von PCT-Vertragsstaaten auf den Kopfbögen der Schriften, die internationale Anmeldungen gemäss dem PCT veröffentlichen.

AL	Albanien	**ES**	Spanien	**LS**	Lesotho	**SI**	Slowenien
AM	Armenien	**FI**	Finnland	**LT**	Litauen	**SK**	Slowakei
AT	Österreich	**FR**	Frankreich	**LU**	Luxemburg	**SN**	Senegal
AU	Australien	**GA**	Gabun	**LV**	Lettland	**SZ**	Swasiland
AZ	Aserbaidschan	**GB**	Vereinigtes Königreich	**MC**	Monaco	**TD**	Tschad
BA	Bosnien-Herzegowina	**GE**	Georgien	**MD**	Republik Moldau	**TG**	Togo
BB	Barbados	**GH**	Ghana	**MG**	Madagaskar	**TJ**	Tadschikistan
BE	Belgien	**GN**	Guinea	**MK**	Die ehemalige jugoslawische Republik Mazedonien	**TM**	Turkmenistan
BF	Burkina Faso	**GR**	Griechenland			**TR**	Türkei
BG	Bulgarien	**HU**	Ungarn	**ML**	Mali	**TT**	Trinidad und Tobago
BJ	Benin	**IE**	Irland	**MN**	Mongolei	**UA**	Ukraine
BR	Brasilien	**IL**	Israel	**MR**	Mauretanien	**UG**	Uganda
BY	Belarus	**IS**	Island	**MW**	Malawi	**US**	Vereinigte Staaten von Amerika
CA	Kanada	**IT**	Italien	**MX**	Mexiko		
CF	Zentralafrikanische Republik	**JP**	Japan	**NE**	Niger	**UZ**	Usbekistan
CG	Kongo	**KE**	Kenia	**NL**	Niederlande	**VN**	Vietnam
CH	Schweiz	**KG**	Kirgisistan	**NO**	Norwegen	**YU**	Jugoslawien
CI	Côte d'Ivoire	**KP**	Demokratische Volksrepublik Korea	**NZ**	Neuseeland	**ZW**	Zimbabwe
CM	Kamerun			**PL**	Polen		
CN	China	**KR**	Republik Korea	**PT**	Portugal		
CU	Kuba	**KZ**	Kasachstan	**RO**	Rumänien		
CZ	Tschechische Republik	**LC**	St. Lucia	**RU**	Russische Föderation		
DE	Deutschland	**LI**	Liechtenstein	**SD**	Sudan		
DK	Dänemark	**LK**	Sri Lanka	**SE**	Schweden		
EE	Estland	**LR**	Liberia	**SG**	Singapur		

INTERNATIONAL SEARCH REPORT

International Application No
PCT/DE 99/00722

A. CLASSIFICATION OF SUBJECT MATTER
IPC 6 C12N15/12 C07K14/47 C07K16/18 C12N1/21 C12N5/10
C12N15/10 C12N15/62 C12N15/70 C12N15/79 C12Q1/68
G01N33/68 A61K38/17 A61K48/00

According to International Patent Classification (IPC) or to both national classification and IPC

B. FIELDS SEARCHED

Minimum documentation searched (classification system followed by classification symbols)
IPC 6 C12N C07K C12Q

Documentation searched other than minimum documentation to the extent that such documents are included in the fields searched

Electronic data base consulted during the international search (name of data base and, where practical, search terms used)

C. DOCUMENTS CONSIDERED TO BE RELEVANT

Category °	Citation of document, with indication, where appropriate, of the relevant passages	Relevant to claim No.
A	WO 98 04689 A (UROCOR INC) 5 February 1998 (1998-02-05) page 114, line 5 - line 13 page 7, line 16 - line 28 claims ---	1-33,37
A	DONG, J.-T. ET AL.: "KAI1, a metastasis suppressor gene for prostate cancer on human chromosome 11p11.2" SCIENCE., vol. 268, 12 May 1995 (1995-05-12), pages 884-886, XP002127854 abstract; table 1 --- -/--	1-33,37

[X] Further documents are listed in the continuation of box C.

[X] Patent family members are listed in annex.

° Special categories of cited documents :

"A" document defining the general state of the art which is not considered to be of particular relevance

"E" earlier document but published on or after the international filing date

"L" document which may throw doubts on priority claim(s) or which is cited to establish the publication date of another citation or other special reason (as specified)

"O" document referring to an oral disclosure, use, exhibition or other means

"P" document published prior to the international filing date but later than the priority date claimed

"T" later document published after the international filing date or priority date and not in conflict with the application but cited to understand the principle or theory underlying the invention

"X" document of particular relevance; the claimed invention cannot be considered novel or cannot be considered to involve an inventive step when the document is taken alone

"Y" document of particular relevance; the claimed invention cannot be considered to involve an inventive step when the document is combined with one or more other such documents, such combination being obvious to a person skilled in the art.

"&" document member of the same patent family

Date of the actual completion of the international search	Date of mailing of the international search report
17 January 2000	17. 04. 00

Name and mailing address of the ISA	Authorized officer
European Patent Office, P.B. 5818 Patentlaan 2 NL - 2280 HV Rijswijk Tel. (+31-70) 340-2040, Tx. 31 651 epo nl, Fax: (+31-70) 340-3016	ANDRES S.M.

Form PCT/ISA/210 (second sheet) (July 1992)

INTERNATIONAL SEARCH REPORT

International Application No
T/DE 99/00722

C.(Continuation) DOCUMENTS CONSIDERED TO BE RELEVANT

Category °	Citation of document, with indication, where appropriate, of the relevant passages	Relevant to claim No.
X	"nj50f01.s1 NCI_CGAP_Pr9 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:995929" EMBL DATABASE ENTRY HS1321049; ACCESSION NUMBER AA531076 (VERSION 2), 19 August 1997 (1997-08-19), XP002127855 the whole document	1,5-9,37
X	HILLIER, L. ET AL.: "WashU-Merck EST project 1997: zw53c09.r1 Soares total fetus Nb2HF8 9w Homo sapiens cDNA clone 773776 5'" EMBL DATABASE ENTRY HS1236638; ACCESSION NUMBER AA434549,1 June 1997 (1997-06-01), XP002127856 the whole document	1,5-9,37
X	"ns58d08.s1 NCI_CGAP_Pr22 Homom sapiens cDNA clone IMAGE:1187823" EMBL DATABASE ENTRY AA662096 (VERSION 2), 5 December 1997 (1997-12-05), XP002127857 the whole document	1,5-9,37
X	HILLIER, L. ET AL.: "WashU-Merck EST project: yw79g09.s1 Homo sapiens cDNA clone 258496 3'" EMBL DATABASE ENTRY HS908263; ACCESSION NUMBER N25908, 30 December 1995 (1995-12-30), XP002127858 the whole document	1,5-9,37
A	WO 97 36535 A (UNIV TEXAS) 9 October 1997 (1997-10-09) page 71, line 1 - line 6 claims	1-33,37
A	BONFIELD, J. ET AL.: "A new sequence assembly program" NUCLEIC ACIDS RESEARCH., vol. 23, 1995, page 4992-9 XP002127627 ISSN: 0305-1048 cited in the application	
A	SCHULER, G. D.: "Sequence mapping by electronic PCR" GENOME RESEARCH., vol. 7, 1997, pages 541-550, XP002127628 ISSN: 1088-9051 cited in the application	

-/--

1

INTERNATIONAL SEARCH REPORT

Interr. .ial Application No
PC E 99/00722

C.(Continuation) DOCUMENTS CONSIDERED TO BE RELEVANT

Category °	Citation of document, with indication, where appropriate, of the relevant passages	Relevant to claim No.
P,X	WO 99 06548 A (LACROIX BRUNO ;DUCLERT AYMERIC (FR); GENSET (FR); DUMAS MILNE EDWA) 11 February 1999 (1999-02-11) claims page 615 -page 616 -----	1,2, 4-19, 23-25, 28, 31-33,37

Form PCT/ISA/210 (continuation of second sheet) (July 1992)

INTERNATIONAL SEARCH REPORT

International application No.
PCT/DE 99/00722

Box I Observations where certain claims were found unsearchable (Continuation of item 1 of first sheet)

This international search report has not been established in respect of certain claims under Article 17(2)(a) for the following reasons:

1. ☐ Claims Nos.:
because they relate to subject matter not required to be searched by this Authority, namely:

2. ☒ Claims Nos.: 34-36
because they relate to parts of the international application that do not comply with the prescribed requirements to such an extent that no meaningful international search can be carried out, specifically:

See supplemental sheet ADDITIONAL MATTER PCT/ISA/210

3. ☐ Claims Nos.:
because they are dependent claims and are not drafted in accordance with the second and third sentences of Rule 6.4(a).

Box II Observations where unity of invention is lacking (Continuation of item 2 of first sheet)

This International Searching Authority found multiple inventions in this international application, as follows:

1. ☐ As all required additional search fees were timely paid by the applicant, this international search report covers all searchable claims.

2. ☐ As all searchable claims could be searched without effort justifying an additional fee, this Authority did not invite payment of any additional fee.

3. ☐ As only some of the required additional search fees were timely paid by the applicant, this international search report covers only those claims for which fees were paid, specifically claims Nos.:

4. ☒ No required additional search fees were timely paid by the applicant. Consequently, this international search report is restricted to the invention first mentioned in the claims; it is covered by claims Nos.:

Claim nos. 1-37 (all in part)

Remark on Protest

☐ The additional search fees were accompanied by the applicant's protest.

☐ No protest accompanied the payment of additional search fees.

The International Searching Authority has established that this international application contains multiple (groups of) inventions as follows:

1. Claim nos.: 1-37 (all in part)

Nucleic acid sequence related to SEQ ID 3, an allelic or complementary variant thereof. BAC, PAC and cosmid clones, expression cassette and host cell containing this sequence. Uses of said nucleic acid sequence and methods for producing a polypeptide. Antibodies targeting a polypeptide or fragment which is coded by SEQ ID 3. Polypeptide (partial) sequences related to SEQ IDs 67 to 70 (Table 2) and their uses. Medicaments containing at least one polypeptide (partial) sequence related to SEQ IDs 67 to 70.

2. to 71. Claim nos.: 1-37 (all in part)

As for invention 1. but related to nucleic acid sequence IDs 4, 6-8, 12, 16-19, 21, 23, 24, 26-33, 35, 37, 41-44, 46, 47, 49, 51, 53, 54, 58-64 and 217-247, and the corresponding polypeptide (partial) sequences SEQ IDs 71, 73-75, 90, 92-105, 109, 111-114, 116-137, 139-146, 154-165, 168-173, 183-187, 194, 214-216 and 248-295 as described in Table 2 or in the sequence protocol.

72. to 79. Claim nos.: 3, 5-19, 23-26, 29-33, 37 (all in part)

Nucleic acid sequence related respectively to SEQ IDs 2, 9-10, 14, 36, 39, 52 and 55, expression cassette and host cell containing said sequence. Uses of said nucleic acid sequence and methods for producing a polypeptide. Corresponding polypeptide (partial) sequences as described in Table 2 and their uses. Medicaments containing at least one of these sequences.

Continued from field I.2

Claim nos.: 34-36

Patent claim nos. 34 to 36 relate to a disproportionately high number of possible products which are not supported by the description within the meaning of PCT Art. 6 and/or not disclosed in the patent application within the meaning of PCT Art. 5. In the present case, the patent claims lack the appropriate support and the patent application lacks the necessary disclosure to the extent that a meaningful search of the entire scope of protection sought seems impossible. No search was carried out for said products and their uses for this reason.

The applicant is advised that patent claims or parts of patent claims relating to inventions for which no international search has been established cannot normally be the subject of an international preliminary examination (PCT Rule 66.1(e)). As a general rule, the EPO in its capacity as the authority entrusted with the task of carrying out an international preliminary examination will not conduct a preliminary examination for subjects in respect of which no search has been provided. This also applies to cases where the patent claims were amended after receipt of the international search report (PCT Art. 19) or to cases where the applicant presents new patent claims in keeping with the PCT Chapter II procedure.

INTERNATIONAL SEARCH REPORT

Information on patent family members

International Application No
PCT/DE 99/00722

Patent document cited in search report	Publication date	Patent family member(s)	Publication date
WO 9804689 A	05-02-1998	AU 6642996 A	20-02-1998
		EP 0951541 A	27-10-1999
		US 5882864 A	16-03-1999
WO 9736535 A	09-10-1997	US 5861248 A	19-01-1999
		AU 713610 B	09-12-1999
		AU 2601797 A	22-10-1997
		EP 0904405 A	31-03-1999
WO 9906548 A	11-02-1999	AU 8554798 A	22-02-1999

INTERNATIONALER RECHERCHENBERICHT

Internationales Aktenzeichen
PCT/DE 99/00722

A. KLASSIFIZIERUNG DES ANMELDUNGSGENSTANDES
IPK 6 C12N15/12 C12N5/14/47 C07K16/18 C12N1/2. C12N5/10
C12N15/10 C12N15/62 C12N15/70 C12N15/79 C12Q1/68
G01N33/68 A61K38/17 A61K48/00

Nach der Internationalen Patentklassifikation (IPK) oder nach der nationalen Klassifikation und der IPK

B. RECHERCHIERTE GEBIETE

Recherchierter Mindestprüfstoff (Klassifikationssystem und Klassifikationssymbole)
IPK 6 C12N C07K C12Q

Recherchierte aber nicht zum Mindestprüfstoff gehörende Veröffentlichungen, soweit diese unter die recherchierten Gebiete fallen

Während der internationalen Recherche konsultierte elektronische Datenbank (Name der Datenbank und evtl. verwendete Suchbegriffe)

C. ALS WESENTLICH ANGESEHENE UNTERLAGEN

Kategorie°	Bezeichnung der Veröffentlichung, soweit erforderlich unter Angabe der in Betracht kommenden Teile	Betr. Anspruch Nr.
A	WO 98 04689 A (UROCOR INC) 5. Februar 1998 (1998-02-05) Seite 114, Zeile 5 - Zeile 13 Seite 7, Zeile 16 - Zeile 28 Ansprüche ---	1-33,37
A	DONG, J.-T. ET AL.: "KAI1, a metastasis suppressor gene for prostate cancer on human chromosome 11p11.2" SCIENCE., Bd. 268, 12. Mai 1995 (1995-05-12), Seiten 884-886, XP002127854 Zusammenfassung; Tabelle 1 --- -/--	1-33,37

[X] Weitere Veröffentlichungen sind der Fortsetzung von Feld C zu entnehmen

[X] Siehe Anhang Patentfamilie

° Besondere Kategorien von angegebenen Veröffentlichungen :
"A" Veröffentlichung, die den allgemeinen Stand der Technik definiert, aber nicht als besonders bedeutsam anzusehen ist
"E" älteres Dokument, das jedoch erst am oder nach dem internationalen Anmeldedatum veröffentlicht worden ist
"L" Veröffentlichung, die geeignet ist, einen Prioritätsanspruch zweifelhaft erscheinen zu lassen, oder durch die das Veröffentlichungsdatum einer anderen im Recherchenbericht genannten Veröffentlichung belegt werden soll oder die aus einem anderen besonderen Grund angegeben ist (wie ausgeführt)
"O" Veröffentlichung, die sich auf eine mündliche Offenbarung, eine Benutzung, eine Ausstellung oder andere Maßnahmen bezieht
"P" Veröffentlichung, die vor dem internationalen Anmeldedatum, aber nach dem beanspruchten Prioritätsdatum veröffentlicht worden ist
"T" Spätere Veröffentlichung, die nach dem internationalen Anmeldedatum oder dem Prioritätsdatum veröffentlicht worden ist und mit der Anmeldung nicht kollidiert, sondern nur zum Verständnis des der Erfindung zugrundeliegenden Prinzips oder der ihr zugrundeliegenden Theorie angegeben ist
"X" Veröffentlichung von besonderer Bedeutung; die beanspruchte Erfindung kann allein aufgrund dieser Veröffentlichung nicht als neu oder auf erfinderischer Tätigkeit beruhend betrachtet werden
"Y" Veröffentlichung von besonderer Bedeutung; die beanspruchte Erfindung kann nicht als auf erfinderischer Tätigkeit beruhend betrachtet werden, wenn die Veröffentlichung mit einer oder mehreren anderen Veröffentlichungen dieser Kategorie in Verbindung gebracht wird und diese Verbindung für einen Fachmann naheliegend ist
"&" Veröffentlichung, die Mitglied derselben Patentfamilie ist

Datum des Abschlusses der internationalen Recherche	Absendedatum des internationalen Recherchenberichts
17. Januar 2000	17. 04. 00

Name und Postanschrift der Internationalen Recherchenbehörde	Bevollmächtigter Bediensteter
Europäisches Patentamt, P.B. 5818 Patentlaan 2 NL - 2280 HV Rijswijk Tel. (+31-70) 340-2040, Tx. 31 651 epo nl, Fax: (+31-70) 340-3016	ANDRES S.M.

Formblatt PCT/ISA/210 (Blatt 2) (Juli 1992)

C.(Fortsetzung) ALS WESENTLICH AN HENE UNTERLAGEN

Kategorie°	Bezeichnung der Veröffentlichung, soweit erforderlich unter Angabe der in Betracht kommenden Teile	Betr. Anspruch Nr.
X	"nj50f01.s1 NCI_CGAP_Pr9 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:995929" EMBL DATABASE ENTRY HS1321049; ACCESSION NUMBER AA531076 (VERSION 2), 19. August 1997 (1997-08-19), XP002127855 das ganze Dokument	1,5-9,37
X	HILLIER, L. ET AL.: "WashU-Merck EST project 1997: zw53c09.r1 Soares total fetus Nb2HF8 9w Homo sapiens cDNA clone 773776 5'" EMBL DATABASE ENTRY HS1236638; ACCESSION NUMBER AA434549,1. Juni 1997 (1997-06-01), XP002127856 das ganze Dokument	1,5-9,37
X	"ns58d08.s1 NCI_CGAP_Pr22 Homom sapiens cDNA clone IMAGE:1187823" EMBL DATABASE ENTRY AA662096 (VERSION 2), 5. Dezember 1997 (1997-12-05), XP002127857 das ganze Dokument	1,5-9,37
X	HILLIER, L. ET AL.: "WashU-Merck EST project: yw79g09.s1 Homo sapiens cDNA clone 258496 3'" EMBL DATABASE ENTRY HS908263; ACCESSION NUMBER N25908, 30. Dezember 1995 (1995-12-30), XP002127858 das ganze Dokument	1,5-9,37
A	WO 97 36535 A (UNIV TEXAS) 9. Oktober 1997 (1997-10-09) Seite 71, Zeile 1 - Zeile 6 Ansprüche	1-33,37
A	BONFIELD, J. ET AL.: "A new sequence assembly program" NUCLEIC ACIDS RESEARCH., Bd. 23, 1995, Seite 4992-9 XP002127627 ISSN: 0305-1048 in der Anmeldung erwähnt	
A	SCHULER, G. D.: "Sequence mapping by electronic PCR" GENOME RESEARCH., Bd. 7, 1997, Seiten 541-550, XP002127628 ISSN: 1088-9051 in der Anmeldung erwähnt	

-/--

INTERNATIONALER RECHERCHENBERICHT

Int 'onales Aktenzeichen
PCT/DE 99/00722

C.(Fortsetzung) ALS WESENTLICH AN IENE UNTERLAGEN

Kategorie°	Bezeichnung der Veröffentlichung, soweit erforderlich unter Angabe der in Betracht kommenden Teile	Betr. Anspruch Nr.
P,X	WO 99 06548 A (LACROIX BRUNO ;DUCLERT AYMERIC (FR); GENSET (FR); DUMAS MILNE EDWA) 11. Februar 1999 (1999-02-11) Ansprüche Seite 615 -Seite 616 -----	1,2, 4-19, 23-25, 28, 31-33,37

INTERNATIONALER RECHERCHENBERICHT

Internationales Aktenzeichen
PCT/DE 99/00722

Feld I Bemerkungen zu den Ansprüchen, die sich als nicht recherchierbar erwiesen haben (Fortsetzung von Punkt 2 auf Blatt 1)

Gemäß Artikel 17(2)a) wurde aus folgenden Gründen für bestimmte Ansprüche kein Recherchenbericht erstellt:

1. ☐ Ansprüche Nr.
weil sie sich auf Gegenstände beziehen, zu deren Recherche die Behörde nicht verpflichtet ist, nämlich

2. ☒ Ansprüche Nr. 34-36
weil sie sich auf Teile der internationalen Anmeldung beziehen, die den vorgeschriebenen Anforderungen so wenig entsprechen, daß eine sinnvolle internationale Recherche nicht durchgeführt werden kann, nämlich
siehe Zusatzblatt WEITERE ANGABEN PCT/ISA/210

3. ☐ Ansprüche Nr.
weil es sich dabei um abhängige Ansprüche handelt, die nicht entsprechend Satz 2 und 3 der Regel 6.4 a) abgefaßt sind.

Feld II Bemerkungen bei mangelnder Einheitlichkeit der Erfindung (Fortsetzung von Punkt 3 auf Blatt 1)

Die internationale Recherchenbehörde hat festgestellt, daß diese internationale Anmeldung mehrere Erfindungen enthält:

1. ☐ Da der Anmelder alle erforderlichen zusätzlichen Recherchengebühren rechtzeitig entrichtet hat, erstreckt sich dieser internationale Recherchenbericht auf alle recherchierbaren Ansprüche.

2. ☐ Da für alle recherchierbaren Ansprüche die Recherche ohne einen Arbeitsaufwand durchgeführt werden konnte, der eine zusätzliche Recherchengebühr gerechtfertigt hätte, hat die Behörde nicht zur Zahlung einer solchen Gebühr aufgefordert.

3. ☐ Da der Anmelder nur einige der erforderlichen zusätzlichen Recherchengebühren rechtzeitig entrichtet hat, erstreckt sich dieser internationale Recherchenbericht nur auf die Ansprüche, für die Gebühren entrichtet worden sind, nämlich auf die Ansprüche Nr.

4. ☒ Der Anmelder hat die erforderlichen zusätzlichen Recherchengebühren nicht rechtzeitig entrichtet. Der internationale Recherchenbericht beschränkt sich daher auf die in den Ansprüchen zuerst erwähnte Erfindung; diese ist in folgenden Ansprüchen erfaßt:
Ansprüche 1-37 (all teilweise)

Bemerkungen hinsichtlich eines Widerspruchs

☐ Die zusätzlichen Gebühren wurden vom Anmelder unter Widerspruch gezahlt.

☐ Die Zahlung zusätzlicher Recherchengebühren erfolgte ohne Widerspruch.

WEITERE ANGABEN **PCT/ISA/ 210**

Die internationale Recherchenbehörde hat festgestellt, daß diese internationale Anmeldung mehrere (Gruppen von) Erfindungen enthält, nämlich:

1. Ansprüche: 1-37 (alle teilweise)

Nukleinsäuresequenz sich beziehend auf SEQ ID 3, eine allelische oder komplementäre Variante davon. BAC, PAC und Cosmid-Klone, Expressionskassette, sowie Wirtszelle diese Sequenz enthaltend. Verwendungen besagter Nukleinsäuresequenz und Verfahren zur Herstellung eines Polypeptids. Antikörper, gerichtet gegen ein Polypeptid oder Fragment, welches von der SEQ ID 3 Sequenz kodiert wird. Polypeptid(teil)sequenzen sich beziehend auf SEQ IDs 67 bis 70 (Tabelle 2) und deren Verwendungen. Arzneimittel, enthaltend mindestens eine Polypeptid(teil)sequenz sich beziehend auf SEQ IDs 67 bis 70.

2. bis 71. Ansprüche: 1-37 (alle teilweise)

Wie für Erfindung 1. aber bezogen auf die Nukleinsäuresequenzen SEQ IDs 4,6-8,12,16-19,21,23,24, 26-33,35,37,41-44,46,47,49,51,53,54, 58-64 und 217-247, und den korrespondierenden Polypeptid(teil)-Sequenzen SEQ IDs 71,73-75,90,92-105,109,111-114,116-137,139-146,154-165, 168-173,183-187,194,214-216, und 248-295 sowie in der Tabelle 2 oder dem Sequenzprotokoll beschrieben.

72. bis 79. Ansprüche: 3,5-19,23-26,29-33,37 (alle teilweise)

Nukleinsäuresequenz sich respectiv beziehend auf SEQ IDs 2,9-10,14,36,39,52 und 55, Expressionskassette, sowie Wirtszelle diese Sequenz enthaltend. Verwendungen besagter Nukleinsäuresequenz und Verfahren zur Herstellung eines Polypeptids. Korrespondierende Polypeptid(teil)sequenzen sowie in Tabelle 2 beschrieben und deren Verwendungen. Arzneimittel, enthaltend mindestens eine dieser sequenzen.

WEITERE ANGABEN **PCT/ISA/** 210

Fortsetzung von Feld I.2

Ansprüche Nr.: 34-36

Die geltende Patentansprüche 34 bis 36 beziehen sich auf eine unverhältnismäßig große Zahl möglicher Produkte, welche sich weder im Sinne von Art. 6 PCT auf die Beschreibung stützen und/oder noch im Sinne von Art. 5 PCT als in der Patentanmeldung offenbart gelten können. Im vorliegenden Fall fehlt den Patentansprüchen die entsprechende Stütze und fehlt der Patentanmeldung die nötige Offenbarung in einem solchen Maße, daß eine sinnvolle Recherche über den erstrebten Schutzbereich unmöglich erscheint. Daher wurde keine Recherche für besagte Produkte und deren Verwendungen ausgeführt.

Der Anmelder wird darauf hingewiesen, daß Patentansprüche, oder Teile von Patentansprüchen, auf Erfindungen, für die kein internationaler Recherchenbericht erstellt wurde, normalerweise nicht Gegenstand einer internationalen vorläufigen Prüfung sein können (Regel 66.1(e) PCT). In seiner Eigenschaft als mit der internationalen vorläufigen Prüfung beauftragte Behörde wird das EPA also in der Regel keine vorläufige Prüfung für Gegenstände durchführen, zu denen keine Recherche vorliegt. Dies gilt auch für den Fall, daß die Patentansprüche nach Erhalt des internationalen Recherchenberichtes geändert wurden (Art. 19 PCT), oder für den Fall, daß der Anmelder im Zuge des Verfahrens gemäß Kapitel II PCT neue Patentanprüche vorlegt.

INTERNATIONALER RECHERCHENBERICHT

Angaben zu Veröffentlichur., die zur selben Patentfamilie gehören

Inter ales Aktenzeichen
PCT/DE 99/00722

Im Recherchenbericht angeführtes Patentdokument	Datum der Veröffentlichung	Mitglied(er) der Patentfamilie	Datum der Veröffentlichung
WO 9804689 A	05-02-1998	AU 6642996 A	20-02-1998
		EP 0951541 A	27-10-1999
		US 5882864 A	16-03-1999
WO 9736535 A	09-10-1997	US 5861248 A	19-01-1999
		AU 713610 B	09-12-1999
		AU 2601797 A	22-10-1997
		EP 0904405 A	31-03-1999
WO 9906548 A	11-02-1999	AU 8554798 A	22-02-1999

09/623746
533 Rec'd PCT/ 08 SEP 2000

WORLD INTELLECTUAL PROPERTY ORGANIZATION
PCT International Office
INTERNATIONAL APPLICATION PUBLISHED PURSUANT TO THE INTERNATIONAL PATENT COOPERATION TREATY (PCT)

(51) International Patent Classification[6]:
C12N 15/12, C07K 14/47, 16/18, C12N 1/21, 5/10, 15/10, 15/62, 15/70, 15/79, C12Q 1/68, G01N 33/68, A61K 38/17, 48/00
A2
(11) International Publication Number: **WO 99/46375**
(43) International Publication Date: September 16, 1999 (9/16/99)
(21) International File Number: PCT/DE99/00722
(22) International Application Date: March 9, 1999 (3/9/99)
(30) Priority Data: 198 11 194.0 March 10, 1998 (3/10/98) DE
(71) Applicant (for all designated countries except US): METAGEN GESELLSCHAFT FÜR GENOMFORSCHUNG MBH [DE/DE]; Ihnestrasse 63, D-14195 Berlin (DE)
(72) Inventors: and
(75) Inventors/applicants (only for US): SPECHT, Thomas [DE/DE]; Grabenstrasse 14, D-12209 Berlin (DE). HINZMANN, Bernd [DE/DE]; Parkstrasse 19, D-13127 Berlin (DE). SCHMITT, Armin [DE/DE]; Laubacher Strasse 6/11, D-14197 Berlin (DE). PILARSKY, Christian [DE/DE]; Heinrich-Lange-Strasse 13c, D-01474 Schönfeld (DE). DAHL, Edgar [DE/DE]; Eleonore-Procheska-Strasse 6, D-14480 Potsdam (DE). ROSENTHAL, André [DE/DE]; Koppenplatz 10, D-10115 Berlin (DE).

(81) Designated countries: JP, US, European patent (AT, BE, CH, CY, DE, DK, ES, FI, FR, GB, GR, IE, IT, LU, MC, NL, PT, SE).

Published
Without international search report and to be republished after receipt of the report.

(54) **Title:** HUMAN NUCLEIC ACID SEQUENCES FROM PROSTATE TISSUE

(57) **Abstract**
Human nucleic acid sequences -- mRNA, cDNA, genomic sequences -- from normal prostate tissue, which code for gene products or parts thereof and their use, are described. In addition, the polypeptides that can be obtained by way of the sequences and their use are described.

PCT ELTORGANISATION FÜR GEISTIGES EIGENTU
Internationales Büro

INTERNATIONALE ANMELDUNG VERÖFFENTLICHT NACH DEM VERTRAG ÜBER DIE INTERNATIONALE ZUSAMMENARBEIT AUF DEM GEBIET DES PATENTWESENS (PCT)

(51) Internationale Patentklassifikation 6 :
C12N 15/12, C07K 14/47, 16/18, C12N 1/21, 5/10, 15/10, 15/62, 15/70, 15/79, C12Q 1/68, G01N 33/68, A61K 38/17, 48/00

A2

(11) Internationale Veröffentlichungsnummer: **WO 99/46375**

(43) Internationales Veröffentlichungsdatum: 16. September 1999 (16.09.99)

(21) Internationales Aktenzeichen: PCT/DE99/00722

(22) Internationales Anmeldedatum: 9. März 1999 (09.03.99)

(30) Prioritätsdaten:
198 11 194.0 10. März 1998 (10.03.98) DE

(81) Bestimmungsstaaten: JP, US, europäisches Patent (AT, BE, CH, CY, DE, DK, ES, FI, FR, GB, GR, IE, IT, LU, MC, NL, PT, SE).

Veröffentlicht
Ohne internationalen Recherchenbericht und erneut zu veröffentlichen nach Erhalt des Berichts.

(71) Anmelder *(für alle Bestimmungsstaaten ausser US)*: METAGEN GESELLSCHAFT FÜR GENOMFORSCHUNG MBH [DE/DE]; Ihnestrasse 63, D–14195 Berlin (DE).

(72) Erfinder; und
(75) Erfinder/Anmelder *(nur für US)*: SPECHT, Thomas [DE/DE]; Grabenstrasse 14, D–12209 Berlin (DE). HINZMANN, Bernd [DE/DE]; Parkstrasse 19, D–13127 Berlin (DE). SCHMITT, Armin [DE/DE]; Laubacher Strasse 6/II, D–14197 Berlin (DE). PILARSKY, Christian [DE/DE]; Heinrich–Lange–Strasse 13c, D–01474 Schönfeld (DE). DAHL, Edgar [DE/DE]; Eleonore–Procheska–Strasse 6, D–14480 Potsdam (DE). ROSENTHAL, André [DE/DE]; Koppenplatz 10, D–10115 Berlin (DE).

(54) Title: HUMAN NUCLEIC ACID SEQUENCES FROM PROSTATE TISSUE

(54) Bezeichnung: MENSCHLICHE NUKLEINSÄURESEQUENZEN AUS PROSTATAGEWEBE

(57) Abstract

The invention relates to human nucleic acid sequences – mRNA, cDNA, genomic sequences – of normal prostate tissue which code for gene products or parts thereof, and to their use. The invention also relates to the polypeptides obtainable by way of said sequences and to their use.

(57) Zusammenfassung

Es werden menschliche Nukleinsäurequenzen – mRNA, cDNA, genomische Sequenzen – aus normalem Prostatagewebe, die für Genprodukte oder Teile davon kodieren und deren Verwendung beschrieben. Es werden weiterhin die über die Sequenzen erhältlichen Polypeptide und deren Verwendung beschrieben.

LEDIGLICH ZUR INFORMATION

Codes zur Identifizierung von PCT-Vertragsstaaten auf den Kopfbögen der Schriften, die internationale Anmeldungen gemäss dem PCT veröffentlichen.

AL	Albanien	**ES**	Spanien	**LS**	Lesotho	**SI**	Slowenien
AM	Armenien	**FI**	Finnland	**LT**	Litauen	**SK**	Slowakei
AT	Österreich	**FR**	Frankreich	**LU**	Luxemburg	**SN**	Senegal
AU	Australien	**GA**	Gabun	**LV**	Lettland	**SZ**	Swasiland
AZ	Aserbaidschan	**GB**	Vereinigtes Königreich	**MC**	Monaco	**TD**	Tschad
BA	Bosnien-Herzegowina	**GE**	Georgien	**MD**	Republik Moldau	**TG**	Togo
BB	Barbados	**GH**	Ghana	**MG**	Madagaskar	**TJ**	Tadschikistan
BE	Belgien	**GN**	Guinea	**MK**	Die ehemalige jugoslawische Republik Mazedonien	**TM**	Turkmenistan
BF	Burkina Faso	**GR**	Griechenland			**TR**	Türkei
BG	Bulgarien	**HU**	Ungarn	**ML**	Mali	**TT**	Trinidad und Tobago
BJ	Benin	**IE**	Irland	**MN**	Mongolei	**UA**	Ukraine
BR	Brasilien	**IL**	Israel	**MR**	Mauretanien	**UG**	Uganda
BY	Belarus	**IS**	Island	**MW**	Malawi	**US**	Vereinigte Staaten von Amerika
CA	Kanada	**IT**	Italien	**MX**	Mexiko		
CF	Zentralafrikanische Republik	**JP**	Japan	**NE**	Niger	**UZ**	Usbekistan
CG	Kongo	**KE**	Kenia	**NL**	Niederlande	**VN**	Vietnam
CH	Schweiz	**KG**	Kirgisistan	**NO**	Norwegen	**YU**	Jugoslawien
CI	Côte d'Ivoire	**KP**	Demokratische Volksrepublik Korea	**NZ**	Neuseeland	**ZW**	Zimbabwe
CM	Kamerun			**PL**	Polen		
CN	China	**KR**	Republik Korea	**PT**	Portugal		
CU	Kuba	**KZ**	Kasachstan	**RO**	Rumänien		
CZ	Tschechische Republik	**LC**	St. Lucia	**RU**	Russische Föderation		
DE	Deutschland	**LI**	Liechtenstein	**SD**	Sudan		
DK	Dänemark	**LK**	Sri Lanka	**SE**	Schweden		
EE	Estland	**LR**	Liberia	**SG**	Singapur		

Menschliche Nukleinsäuresequenzen aus Prostatagewebe

Die Erfindung betrifft menschliche Nukleinsäuresequenzen -mRNA, cDNA, genomische Sequenzen- aus normalem Prostatagewebe, die für Genprodukte oder Teile davon kodieren und deren Verwendung.
Die Erfindung betrifft weiterhin die über die Sequenzen erhältlichen Polypeptide und deren Verwendung.

Eine weit verbreitete Krebsart ist der Prostatakrebs, für dessen Bekämpfung neue Therapien notwendig sind. Bisher verwendete Therapien, die auf einer Blockierung von Hormonwirkungen beruhen, sind sehr häufig nach wenigen Jahren wirkungslos, da der Tumor hormonunabhängig wird, d. h. ohne Hormonwirkung weiterwächst und Metastasen bildet.

Das Phänomen Krebs geht häufig einher mit der Über- oder Unterexpression gewisser Gene in den entarteten Zellen, wobei noch unklar ist, ob diese veränderten Expressionsraten Ursache oder Folge der malignen Transformation sind. Die Identifikation solcher Gene wäre ein wesentlicher Schritt für die Entwicklung neuer Therapien gegen Krebs. Der spontanen Entstehung von Krebs geht häufig eine Vielzahl von Mutationen voraus. Diese können verschiedenste Auswirkungen auf das Expressionsmuster in dem betroffenen Gewebe haben, wie z.B. Unter- oder Überexpression, aber auch Expression verkürzter Gene. Mehrere solcher Veränderungen durch solche Mutationskaskaden können schließlich zu bösartigen Entartungen führen. Die Komplexität solcher Zusammenhänge erschwert die experimentelle Herangehensweise sehr.

Für die Suche nach Kandidatengenen, d.h. Genen, die verglichen mit dem Tumorgewebe im normalen Gewebe stärker exprimiert werden, wird eine Datenbank verwendet, die aus sogenanten ESTs besteht.
ESTs (Expressed Sequence Tags) sind Sequenzen von cDNAs, d.h. revers transkribierten mRNAs, den Molekülen also, die die Expression von Genen widerspiegeln. Die EST-Sequenzen werden für normale und entartete Gewebe ermittelt. Solche Datenbanken werden von verschiedenen Betreibern z.T. kommerziell angeboten. Die ESTs der LifeSeq-Datenbank, die hier verwendet wird, sind in der Regel zwischen 150 und 350 Nukleotide lang. Sie representieren ein für ein bestimmtes Gen unverkennbares Muster, obwohl dieses Gen normalerweise sehr viel länger ist (> 2000 Nukleotide). Durch Vergleich der Expressionsmuster von normalen und Tumorgewebe können ESTs identifiziert werden, die für die Tumorentstehung und -prolifertion wichtig sind (s. Fig. 1).
Es besteht jedoch folgendes Problem: Da durch unterschiedliche Konstruktionen der cDNA-Bibliotheken die gefundenen EST-Sequenzen zu unterschiedlichen Regionen eines unbekannten Gens gehören können, ergäbe sich in einem solchen Fall ein völlig falsches Verhältnis des Vorkommens dieser ESTs in dem jeweiligen Gewebe. Dieses würde erst bemerkt werden, wenn das vollständige Gen bekannt ist und somit die ESTs dem gleichen Gen zugeordnet werden können.

Es wurde nun gefunden, daß diese Fehlermöglichkeit verringert werden kann, wenn zuvor sämtliche ESTs aus dem jeweiligen Gewebstyp assembliert werden, bevor die Expressionsmuster miteinander verglichen werden. Es wurden also überlappende ESTs ein und desselben Gens zu längeren Sequenzen zusammengefaßt (s. Fig. 1, Fig. 2a und Fig. 3). Durch diese Verlängerung und damit Abdeckung eines wesentlich größeren Genbereichs in jeder der jeweiligen Banken sollte der oben beschriebene Fehler weitgehenst vermieden werden. Da es hierzu keine bestehenden Softwareprodukte gab, wurden Programme für das Assemblieren von genomischen Abschnitten verwendet, die abgewandelt eingesetzt und durch eigene Programme ergänzt wurden. Ein Flowchart der Assemblierungsprozedur ist in Fig. 2b1 - 2b4 dargestellt.

Es konnten nun die Nukleinsäure-Sequenzen Seq. ID No 2-4, 6-10, 12-14, 16-19, 21, 23, 24, 26-33, 35-37, 39, 41-44, 46, 47, 49, 51-55, 58-64 und Seq. ID No 217-247 gefunden werden, die als Kandidatengene bei Prostatakrebs eine Rolle spielen.

Von besonderem Interesse sind die Nukleinsäure-Sequenzen Seq. ID. No. 3, 4, 6-8, 12, 16-19, 21, 23, 24, 26-33, 35, 37, 41-44, 46, 47, 49, 51, 53, 54, 58-64 und 217-247.

Die Erfindung betrifft somit Nukleinsäure-Sequenzen, die ein Genprodukt oder ein Teil davon kodieren, umfassend

a) eine Nukleinsäure-Sequenz, ausgewählt aus der Gruppe der Nukleinsäure-Sequenzen Seq. ID. No. 3, 4, 6-8, 12, 16-35, 37, 41-44, 46, 47, 49, 51, 53, 54, 58-64 und 217-247,

b) eine allelische Variation der unter a) genannten Nukleinsäure-Sequenzen

oder

c) eine Nukleinsäure-Sequenz, die komplementär zu den unter a) oder b) genannten Nukleinsäure-Sequenzen ist.

Die Erfindung betrifft weiterhin eine Nukleinsäure-Sequenz gemäß einer der Sequenzen Seq. ID. No. 3, 4, 6-8, 12, 16-19, 21, 23, 24, 26-33, 35, 37, 41-44, 46, 47, 49, 51, 53, 54, 58-64 und 217-247 oder eine komplementäre oder allelische Variante davon und die Nukleinsäure-Sequenzen davon, die eine 90%ige bis 95% ige Homologie zu einer humanen Nukleinsäure-Sequenz aufweisen.

Die Erfindung betrifft auch die Nukleinsäure-Sequenzen Seq. ID No. 2-4, 6-10, 12-14, 16-19, 21, 23, 24, 26-33, 35-37, 39, 41-44, 46, 47, 49, 51-55, 58-64 und 217-247, die im normalen Prostatagewebe erhöht exprimiert sind

Die Erfindung betrifft ferner Nukleinsäure-Sequenzen, umfassend einen Teil der oben genannten Nukleinsäure-Sequenzen, in solch einer ausreichenden Größe, daß sie mit den Sequenzen Seq. ID. No. 3, 4, 6-8, 12, 16-19, 21, 23, 24, 26-33, 35, 37, 41-44, 46, 47, 49, 51, 53, 54, 58-64 und 217-247 hybridisieren.

Die erfindungsgemäßen Nukleinsäure-Sequenzen weisen im allgemeinen eine Länge von mindestens 50 bis 2500 bp, vorzugsweise eine Länge von mindestens 150 bis 2000 bp, insbesondere eine Länge von 400 bis 1900 bp auf.

Mit den erfindungsgemäßen Teilsequenzen Seq. ID. No. 3, 4, 6-8, 12, 16-19, 21, 23, 24, 26-33, 35, 37, 41-44, 46, 47, 49, 51, 53, 54, 58-64 und 217-247 können gemäß gängiger Verfahrenspraxis auch Expressionskassetten konstruiert werden, wobei auf der Kassette mindestens eine der erfindungsgemäßen Nukleinsäure-Sequenzen zusammen mit mindestens einer dem Fachmann allgemein bekannten Kontroll- oder regulatorischen Sequenz, wie z. B. einem geeigneten Promotor, kombiniert wird. Die erfindungsgemäßen Sequenzen können in sense oder antisense Orientierung eingefügt sein.

In der Literatur sind ist eine große Anzahl von Expressionskassetten bzw. Vektoren und Promotoren bekannt, die verwendet werden können.

Unter Expressionskassetten bzw. Vektoren sind zu verstehen: 1. bakterielle, wie z. B., phagescript, pBs, ϕX174, pBluescript SK, pBs KS, pNH8a, pNH16a, pNH18a, pNH46a (Stratagene), pTrc99A, pKK223-3, pKK233-3, pDR540, pRIT5 (Pharmacia), 2. eukaryontische, wie z. B. pWLneo, pSV2cat, pOG44, pXT1, pSG (Stratagene), pSVK3, pBPV, pMSG, pSVL (Pharmacia).

Unter Kontroll- oder regulatorischer Sequenz sind geignete Promotoren zu verstehen. Hierbei sind zwei bevorzugte Vektoren der pKK232-8 und der PCM7 Vektor. Im einzelnen sind folgende Promotoren gemeint: lacI, lacZ, T3, T7, gpt, lambda P_R, trc, CMV, HSV Thymidin-Kinase, SV40, LTRs aus Retrovirus und Maus Metallothionein-I.

Die auf der Expressionskassette befindlichen DNA-Sequenzen können ein Fusionsprotein kodieren, das ein bekanntes Protein und ein biologisch aktives Polypeptid-Fragment umfaßt.

Die Expressionskassetten sind ebenfalls Gegenstand der vorliegenden Erfindung.

Die erfindungsgemäßen Nukleinsäure-Fragmente können zur Herstellung von Vollängen-Genen verwendet werden. Die erhältlichen Gene sind ebenfalls Gegenstand der vorliegenden Erfindung.

Die Erfindung betrifft auch die Verwendung der erfindungsgemäßen Nukleinsäure-Sequenzen, sowie die aus der Verwendung erhältlichen Gen-Fragmente.

Die erfindungsgemäßen Nukleinsäure-Sequenzen können mit geeigneten Vektoren in Wirtszellen gebracht werden, in denen als heterologer Teil die auf den Nukleinsäure-Fragmenten enthaltene genetischen Information befindet, die exprimiert wird.

Die die Nukleinsäure-Fragmente enthaltenden Wirtszellen sind ebenfalls Gegenstand der vorliegenden Erfindung.

Geeignete Wirtszellen sind z. B. prokaryontische Zellsysteme wie E. coli oder eukaryontische Zellsysteme wie tierische oder humane Zellen oder Hefen.

Die erfindungsgemäßen Nukleinsäure-Sequenzen können in sense oder antisense Form verwendet werden.

Die Herstellung der Polypeptide oder deren Fragment erfolgt durch Kultivierung der Wirtszellen gemäß gängiger Kultivierungsmethoden und anschließender Isolierung und Aufreinigung der Peptide bzw. Fragmente, ebenfalls mittels gängiger Verfahren.
Die Erfindung betrifft ferner Nukleinsäure-Sequenzen, die mindestens eine Teilsequenz eines biologisch aktiven Polypeptids kodieren.

Ferner betrifft die vorliegende Erfindung Polypeptid-Teilsequenzen, sogenannte ORF (open-reading-frame)-Peptide, gemäß den Sequenzprotokollen Seq. ID No. 66-71, 73-75, 82, 83, 90-93, 97-105, 109, 111-114, 116-124, 128-137, 139-149, 152, 154-165, 168-173, 183-195, 214-216 und bis Seq. ID No. 248-295.

Die Erfindung betrifft ferner die Polypeptid-Sequenzen, die mindestens eine 80%ige Homologie, insbesondere eine 90%ige Homologie zu den erfindungsgemäßen Polypeptid-Teilsequenzen der Seq. ID No. 66-71, 73-75, 82, 83, 90-93, 97-105, 109, 111-114, 116-124, 128-137, 139-149, 152, 154-165, 168-173, 183-195, 214-216 und bis Seq. ID No. 248-295 aufweisen.

Die Erfindung betrifft auch Antikörper, die gegen ein Polypeptid oder ein Fragment gerichtet sind, welche von den erfindungsgemäßen Nukleinsäuren der Sequenzen Seq. ID No. 66-71, 73-75, 82, 83, 90-93, 97-105, 109, 111-114, 116-124, 128-137, 139-149, 152, 154-165, 168-173, 183-195, 214-216 und bis Seq. ID No. 248-295 kodiert werden.

Unter Antikörper sind insbesondere monoklonale Antikörper zu verstehen.

Die Erfindung betrifft auch Phage-Display Proteine, die gegen ein Polypeptid oder ein Fragment gerichtet sind, welche von den erfindungsgemäßen Nukleinsäuren der Sequenzen Seq. ID No. 66-71, 73-75, 82, 83, 90-93, 97-105, 109, 111-114, 116-124, 128-137, 139-149, 152, 154-165, 168-173, 183-195, 214-216 und bis Seq. ID No. 248-295 kodiert werden.

Die erfindungsgemäßen Polypeptide der Sequenzen Seq. ID No. 66-71, 73-75, 82, 83, 90-93, 97-105, 109, 111-114, 116-124, 128-137, 139-149, 152, 154-165, 168-173, 183-195, 214-216 und bis Seq. ID No. 248-295 können auch als Tool zum Auffinden von Wirkstoffen gegen Prostatakrebs verwendet werden, was ebenfalls Gegenstand der vorliegenden Erfindung ist.

Ebenfalls Gegenstand der vorliegenden Erfindung ist die Verwendung der Nukleinsäure-Sequenzen gemäß den Sequenzen Seq. ID No. 66-71, 73-75, 82, 83, 90-93, 97-105, 109, 111-114, 116-124, 128-137, 139-149, 152, 154-165, 168-173, 183-195, 214-216 und bis Seq. ID No. 248-295 zur Expression von Polypeptiden, die als Tools zum Auffinden von Wirkstoffen gegen Prostata-Krebs verwendet werden können.

Die Erfindung betrifft auch die Verwendung der gefundenen Polypeptid-Teilsequenzen Seq. ID No. 66-71, 73-75, 82, 83, 90-93, 97-105, 109, 111-114, 116-124, 128-137, 139-149, 152, 154-165, 168-173, 183-195, 214-216 und bis Seq. ID No. 248-295 als Arzneimittel in der Gentherapie zur Behandlung des Prostata-Krebses, bzw. zur Herstellung eines Arzneimittels zur Behandlung des Prostata-Krebses.

Die Erfindung betrifft auch Arzneimittel, die mindestens eine Polypeptid-Teilsequenz Seq. ID No. 66-71, 73-75, 82, 83, 90-93, 97-105, 109, 111-114, 116-124, 128-137, 139-149, 152, 154-165, 168-173, 183-195, 214-216 und bis Seq. ID No. 248-295 enthalten.

Die gefundenen erfindungsgemäßen Nukleinsäure-Sequenzen können auch genomische oder mRNA-Sequenzen sein.

Die Erfindung betrifft auch genomische Gene, ihre Promotoren, Enhancer, Silencer, Exonstruktur, Intronstruktur und deren Spleißvarianten, erhältlich aus den cDNAs der Sequenzen Seq. ID. No. 3, 4, 6-8, 12, 16-19, 21, 23, 24, 26-33, 35, 37, 41-44, 46, 47, 49, 51, 53, 54, 58-64 und 217-247, sowie deren Verwendung zusammen mit geeigneten regulativen Elementen, wie geeigneten Promotoren und/ oder Enhancern.

Mit den erfindungsgemäßen Nukleinsäuren (cDNA-Sequenzen) werden genomische BAC-, PAC- und Cosmid-Bibliotheken gescreent und über komplementäre Basenpaarung (Hybridisierung) spezifisch humane Klone isoliert. Die so isolierten BAC-, PAC- und Cosmid-Klone werden mit Hilfe der Fluoreszenz-in-situ-Hybridisation auf Metaphasenchromosomen hybridisiert und entsprechende Chromosomenabschnitte identifiziert, auf denen die entsprechenden genomischen Gene liegen. BAC-, PAC- und Cosmid-Klone werden sequenziert, um die entsprechenden genomischen Gene in ihrer vollständigen Struktur (Promotoren, Enhancer, Silencer, Exons und Introns) aufzuklären. BAC-, PAC- und Cosmid-Klone können als eigenständige Moleküle für den Gentransfer eingesetzt werden (s. Fig. 5).

Die Erfindung betrifft auch BAC-, PAC- und Cosmid-Klone, enthaltend funktionelle Gene und ihre chromosomale Lokalisation, entsprechend den Sequenzen Seq. ID. No. 3, 4, 6-8, 12, 16-19, 21, 23, 24, 26-33, 35, 37, 41-44, 46, 47, 49, 51, 53, 54, 58-64 und 217-247, zur Verwendung als Vehikel zum Gentransfer.

Bedeutungen von Fachbegriffen und Abkürzungen

Nukleinsäuren=	Unter Nukleinsäuren sind in der voliegenden Erfindung zu verstehen: mRNA, partielle cDNA, vollängen cDNA und genomische Gene (Chromosomen).
ORF =	Open Reading Frame, eine definierte Abfolge von Aminosäuren, die von der cDNA-Sequenz abgeleitet werden kann.
Contig=	Eine Menge von DNA-Sequenzen, die aufgrund sehr großer Ähnlichkeiten zu einer Sequenz zusammengefaßt werden können (Consensus).
Singleton=	Ein Contig, der nur eine Sequenz enthält.
Modul =	Domäne eines Proteins mit einer definierten Sequenz, die eine strukturelle Einheit darstellt und in unterschiedlichen Proteinen vorkommt
N =	wahlweise das Nukleotid A, T, G oder C
X =	wahlweise eine der 20 natürlich vorkommenden Aminosäuren

Erklärung zu den Alignmentparametern

minimal initial match=	minimaler anfänglicher Identitätsbereich
maximum pads per read=	maximale Anzahl von Insertionen
maximum percent mismatch=	maximale Abweichung in %

Erklärung der Abbildungen

Fig. 1	zeigt die systematische Gen-Suche in der Incyte LifeSeq Datenbank.
Fig. 2a	zeigt das Prinzip der EST-Assemblierung
Fig. 2b1-2b4	zeigt das gesamte Prinzip der EST-Assemblierung
Fig. 3	zeigt die in silico Subtraktion der Genexpression in verschiedenen Geweben
Fig. 4a	zeigt die Bestimmung der gewebsspezifischen Expression über elektronischen Northern.

Fig. 4b zeigt den elektronischen Northern

Fig. 5 zeigt die Isolierung von genomischen BAC- und PAC-Klonen.

Die nachfolgenden Beispiele erläutern die Herstellung der erfindungsgemäßen Nukleinsäure-Sequenzen, ohne die Erfindung auf diese Beispiele und Nukleinsäure-Sequenzen zu beschränken.

Beispiel 1

Suche nach Tumor-bezogenen Kandidatengenen

Zuerst wurden sämtliche ESTs des entsprechenden Gewebes aus der LifeSeq-Datenbank (vom Oktober 1997) extrahiert. Diese wurden dann mittels des Programms GAP4 des Staden-Pakets mit den Parametern 0% mismatch, 8 pads per read und einem minimalen match von 20 assembliert. Die nicht in die GAP4-Datenbank aufgenommenen Sequenzen (Fails) wurden erst bei 1% mismatch und dann nochmals bei 2% mismatch mit der Datenbank assembliert. Aus den Contigs der Datenbank, die aus mehr als einer Sequenz bestanden, wurden Consensusse-quenzen errechnet (s. Fig. 2a und 2 b1-2b4).

Die Singletons der Datenbank, die nur aus einer Sequenz bestanden, wurden mit den nicht in die GAP4-Datenbank aufgenommenen Sequenzen bei 2% mismatch erneut assembliert. Wiederum wurden für die Contigs die Consensussequenzen ermittelt. Alle übrigen ESTs wurden bei 4% mismatch erneut assembliert. Die Consensussequenzen wurden abermals extrahiert und mit den vorherigen Consensussequenzen sowie den Singletons und den nicht in die Datenbank aufgenommenen Sequenzen abschließend bei 4% mismatch assembliert. Die Consensussequenzen wurden gebildet und mit den Singletons und Fails als Ausgangsbasis für die Gewebsvergleiche verwendet. Durch diese Prozedur konnte sichergestellt werden, daß unter den verwendeten Parametern sämtliche Sequenzen von einander unabhängige Genbereiche darstellten.

Fig. 2b1-2b4 veranschaulicht die Verlängerung der normal Prostata-Gewebe ESTs.

Die so assemblierten Sequenzen der jeweiligen Gewebe wurden anschließend mittels des gleichen Programms miteinander verglichen (s. Fig. 3). Hierzu wurden erst alle Sequenzen des ersten Gewebes in die Datenbank eingegeben. (Daher war es wichtig, daß diese voneinander unabhängig waren.)
Dann wurden alle Sequenzen des zweiten Gewebes mit allen des ersten verglichen. Das Ergebnis waren Sequenzen, die für das erste bzw. das zweite Gewebe spezifisch waren, sowie welche, die in beiden vorkamen. Bei Letzteren wurde das Verhältnis der Häufigkeit des Vorkommens in den jeweiligen Geweben ausgewertet.

Alle Sequenzen, die mehr als viermal in jeweils einem der verglichenen Gewebe vorkamen, sowie alle, die mindestens fünfmal so häufig in einem der beiden Gewebe vorkamen wurden weiter untersucht. Diese Sequenzen wurden einem elektronischen Northern (s. Beispiel 2.1) unterzogen, wodurch die Verteilung in sämtlichen Tumor- und Normal-Geweben untersucht wurde (s. Fig. 4a und Fig. 4b). Die relevanten Kandidaten wurden dann mit Hilfe sämtlicher Incyte ESTs und allen ESTs öffentlicher Datenbanken verlängert (s. Beispiel 3). Anschließend wurden die Sequenzen und ihre Übersetzung in

mögliche Proteine mit allen Nukleotid- und Proteindatenbanken verglichen, sowie auf mögliche, für Proteine kodierende Regionen untersucht.

Beispiel 2

Algorithmus zur Identifikation und Verlängerung von partiellen cDNA-Sequenzen mit verändertem Expressionsmuster

Im folgenden soll ein Algorithmus zur Auffindung über- oder unterexprimierter Gene erläutert werden. Die einzelnen Schritte sind der besseren Übersicht halber auch in einem Flußdiagramm zusammengefaßt (s. Fig. 4b).

2.1 Elektronischer Northern-Blot

Zu einer partiellen DNA-Sequenz *S*, z. B. einem einzelnen EST oder einem Contig von ESTs, werden mittels eines Standardprogramms zur Homolgiesuche, z. B. BLAST (Altschul, S. F., Gish W., Miller, W., Myers, E. W. und Lipman, D. J. (1990) *J. Mol. Biol.*, **215**, 403-410), BLAST2 (Altschul, S. F., Madden, T. L., Schäffer, A. A., Zhang, J., Zhang, Z., Miller, W. und Lipman, D. J. (1997) *Nucleic Acids Research* **25** 3389-3402) oder FASTA (Pearson, W. R. und Lipman, D. J. (1988) Proc. Natl. Acad. Sci. USA **85** 2444-2448), die homologen Sequenzen in verschiedenen nach Geweben geordneten (privaten oder öffentlichen) EST-Bibliotheken bestimmt. Die dadurch ermittelten (relativen oder absoluten) Gewebe-spezifischen Vorkommenshäufigkeiten dieser Partial-Sequenz *S* werden als elektronischer Northern-Blot bezeichnet.

2.1.1

Analog der unter 2.1 beschriebenen Verfahrensweise wurde die Sequenz Seq. ID No. 10 gefunden, die 4x stärker im normalen Prostatagewebe als im Tumorgewebe vorkommt.

Die mögliche Funktion dieses Genbereiches betrifft humanes MVF-1.

Das Ergebnis ist wie folgt:

Elektronischer Northern-Blot für SEQ. ID. NO: 10

	NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse N/T	T/N
Blase	0.0000	0.0026	0.0000	undef
Brust	0.0040	0.0022	1.8347	0.5450
Eierstock	0.0061	0.0052	1.1686	0.8557
Endokrines_Gewebe	0.0055	0.0000	undef	0.0000
Gastrointestinal	0.0039	0.0000	undef	0.0000
Gehirn	0.0017	0.0088	0.1935	5.1673
Haematopoetisch	0.0014	0.0000	undef	0.0000
Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
Hepatisch	0.0000	0.0065	0.0000	undef
Herz	0.0021	0.0000	undef	0.0000
Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
Lunge	0.0050	0.0024	2.1069	0.4746
Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef
Muskel-Skelett	0.0051	0.0000	undef	0.0000
Niere	0.0030	0.0068	0.4342	2.3033
Pankreas	0.0019	0.0000	undef	0.0000
Penis	0.0030	0.0000	undef	0.0000
Prostata	0.0095	0.0021	4.4745	0.2235
Uterus	0.0017	0.0071	0.2321	4.3088
Brust-Hyperplasie	0.0145			
Duenndarm	0.0000			
Prostata-Hyperplasie	0.0149			
Samenblase	0.0000			
Sinnesorgane	0.0000			
Weisse_Blutkoerperchen	0.0026			

	FOETUS %Haeufigkeit
Entwicklung	0.0000
Gastrointenstinal	0.0000
Gehirn	0.0000
Haematopoetisch	0.0000
Herz-Blutgefaesse	0.0041
Lunge	0.0111
Niere	0.0124
Prostata	0.0000
Sinnesorgane	0.0000

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN %Haeufigkeit
Brust	0.0000
Eierstock-Uterus	0.0000
Endokrines_Gewebe	0.0000
Foetal	0.0082
Gastrointestinal	0.0244
Haematopoetisch	0.0114
Haut-Muskel	0.0000
Hoden	0.0000
Lunge	0.0000
Nerven	0.0040
Prostata	0.0128
Sinnesorgane	0.0000

2.1.2

Analog der unter 2.1 beschriebenen Verfahrensweise wurde die Sequenz Seq. ID No. 18 gefunden, die 6x stärker im normalen Prostatagewebe als im Tumorgewebe vorkommt.

Das Ergebnis ist wie folgt:

Elektronischer Northern-Blot für SEQ. ID. NO: 18

	NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse N/T	T/N
Blase	0.0279	0.0026	10.9109	0.0917
Brust	0.0040	0.0022	1.8347	0.5450
Eierstock	0.0000	0.0026	0.0000	undef
Endokrines_Gewebe	0.0018	0.0000	undef	0.0000
Gastrointestinal	0.0116	0.0000	undef	0.0000
Gehirn	0.0042	0.0033	1.2902	0.7751
Haematopoetisch	0.0014	0.0000	undef	0.0000
Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
Hepatisch	0.0000	0.0065	0.0000	undef
Herz	0.0021	0.0000	undef	0.0000
Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
Lunge	0.0037	0.0000	undef	0.0000
Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef
Muskel-Skelett	0.0034	0.0000	undef	0.0000
Niere	0.0089	0.0000	undef	0.0000
Pankreas	0.0019	0.0055	0.3428	2.9168
Penis	0.0060	0.0000	undef	0.0000
Prostata	0.0119	0.0021	5.5932	0.1788
Uterus	0.0033	0.0071	0.4642	2.1544
Brust-Hyperplasie	0.0000			
Duenndarm	0.0000			
Prostata-Hyperplasie	0.0030			
Samenblase	0.0000			
Sinnesorgane	0.0000			
Weisse_Blutkoerperchen	0.0017			

	FOETUS %Haeufigkeit
Entwicklung	0.0000
Gastrointenstinal	0.0000
Gehirn	0.0000
Haematopoetisch	0.0039
Herz-Blutgefaesse	0.0000
Lunge	0.0000
Niere	0.0124
Prostata	0.0000
Sinnesorgane	0.0000

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN %Haeufigkeit
Brust	0.0272
Eierstock-Uterus	0.0000
Endokrines_Gewebe	0.0000
Foetal	0.0012
Gastrointestinal	0.0000
Haematopoetisch	0.0000
Haut-Muskel	0.0065
Hoden	0.0000
Lunge	0.0082
Nerven	0.0020
Prostata	0.0192
Sinnesorgane	0.0000

2.1.3

Analog der unter 2.1 beschriebenen Verfahrensweise wurde die Sequenz Seq. ID No. 24 gefunden, die 5x stärker im normalen Prostatagewebe als im Tumorgewebe vorkommt.
Die mögliche Funktion dieses Genbereichs betrifftt das Gegenstück eines unbekannten Gens Hefe Chromosom XVI.
Das Ergebnis ist wie folgt:

Elektronischer Northern-Blot für SEQ. ID. NO: 24

	NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse N/T	T/N
Blase	0.0000	0.0153	0.0000	undef
Brust	0.0120	0.0131	0.9174	1.0901
Eierstock	0.0091	0.0208	0.4382	2.2819
Endokrines_Gewebe	0.0146	0.0191	0.7655	1.3064
Gastrointestinal	0.0233	0.0143	1.6285	0.6141
Gehirn	0.0034	0.0077	0.4423	2.2607
Haematopoetisch	0.0056	0.0000	undef	0.0000
Haut	0.0149	0.0847	0.1762	5.6754
Hepatisch	0.0000	0.0518	0.0000	undef
Herz	0.0095	0.0275	0.3468	2.8832
Hoden	0.0061	0.0234	0.2612	3.8288
Lunge	0.0100	0.0165	0.6020	1.6612
Magen-Speiseroehre	0.0097	0.0153	0.6300	1.5874
Muskel-Skelett	0.0051	0.0180	0.2855	3.5025
Niere	0.0059	0.0000	undef	0.0000
Pankreas	0.0038	0.0221	0.1714	5.8337
Penis	0.0000	0.0267	0.0000	undef
Prostata	0.0214	0.0043	5.0338	0.1987
Uterus	0.0116	0.0142	0.8123	1.2311
Brust-Hyperplasie	0.0182			
Duenndarm	0.0093			
Prostata-Hyperplasie	0.0178			
Samenblase	0.0089			
Sinnesorgane	0.0000			
Weisse_Blutkoerperchen	0.0061			

	FOETUS %Haeufigkeit
Entwicklung	0.0307
Gastrointenstinal	0.0123
Gehirn	0.0125
Haematopoetisch	0.0118
Herz-Blutgefaesse	0.0082
Lunge	0.0000
Niere	0.0062
Prostata	0.0000
Sinnesorgane	0.0140

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN %Haeufigkeit
Brust	0.0136
Eierstock-Uterus	0.0068
Endokrines_Gewebe	0.0245
Foetal	0.0041
Gastrointestinal	0.0122
Haematopoetisch	0.0057
Haut-Muskel	0.0032
Hoden	0.0000
Lunge	0.0000
Nerven	0.0010
Prostata	0.0000

2.1.4

Analog der unter 2.1 beschriebenen Verfahrensweise wurde die Sequenz Seq. ID No. 30 gefunden, die 4x stärker im normalen Prostatagewebe als im Tumorgewebe vorkommt.
Die mögliche Funktion dieses Genbereichs betrifftt das Gegenstück eines Gens von thaliana von Caenorhabdites elegans.
Das Ergebnis ist wie folgt:

Elektronischer Northern-Blot für SEQ. ID. NO: 30

	NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse N/T	T/N
Blase	0.0000	0.0051	0.0000	undef
Brust	0.0040	0.0022	1.8347	0.5450
Eierstock	0.0152	0.0026	5.8431	0.1711
Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0054	0.0000	undef
Gastrointestinal	0.0019	0.0000	undef	0.0000
Gehirn	0.0025	0.0044	0.5806	1.7224
Haematopoetisch	0.0056	0.0000	undef	0.0000
Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
Lunge	0.0025	0.0024	1.0534	0.9493
Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef
Muskel-Skelett	0.0034	0.0000	undef	0.0000
Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
Prostata	0.0095	0.0021	4.4745	0.2235
Uterus	0.0017	0.0000	undef	0.0000
Brust-Hyperplasie	0.0000			
Duenndarm	0.0031			
Prostata-Hyperplasie	0.0030			
Samenblase	0.0000			
Sinnesorgane	0.0000			
Weisse_Blutkoerperchen	0.0009			

	FOETUS %Haeufigkeit
Entwicklung	0.0000
Gastrointenstinal	0.0092
Gehirn	0.0000
Haematopoetisch	0.0039
Herz-Blutgefaesse	0.0000
Lunge	0.0000
Niere	0.0000
Prostata	0.0249
Sinnesorgane	0.0000

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN %Haeufigkeit
Brust	0.0068
Eierstock-Uterus	0.0000
Endokrines_Gewebe	0.0245
Foetal	0.0006
Gastrointestinal	0.0000
Haematopoetisch	0.0057
Haut-Muskel	0.0000
Hoden	0.0000
Lunge	0.0000
Nerven	0.0030
Prostata	0.0192
Sinnesorgane	0.0000

2.1.5

Analog der unter 2.1 beschriebenen Verfahrensweise wurde die Sequenz Seq. ID No. 43 gefunden, die 6x stärker im normalen Prostatagewebe als im Tumorgewebe vorkommt.
Das Ergebnis ist wie folgt:

Elektronischer Northern-Blot für SEQ. ID. NO: 43

	NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse N/T	T/N
Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
Brust	0.0120	0.0044	2.7521	0.3634
Eierstock	0.0000	0.0026	0.0000	undef
Endokrines_Gewebe	0.0018	0.0027	0.6698	1.4930
Gastrointestinal	0.0058	0.0048	1.2214	0.8187
Gehirn	0.0051	0.0000	undef	0.0000
Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
Herz	0.0032	0.0000	undef	0.0000
Hoden	0.0122	0.0000	undef	0.0000
Lunge	0.0012	0.0024	0.5267	1.8986
Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef
Muskel-Skelett	0.0000	0.0060	0.0000	undef
Niere	0.0059	0.0068	0.8683	1.1517
Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
Penis	0.0030	0.0000	undef	0.0000
Prostata	0.0119	0.0021	5.5932	0.1788
Uterus	0.0050	0.0000	undef	0.0000
Brust-Hyperplasie	0.0145			
Duenndarm	0.0000			
Prostata-Hyperplasie	0.0030			
Samenblase	0.0000			
Sinnesorgane	0.0000			
Weisse_Blutkoerperchen	0.0035			

	FOETUS %Haeufigkeit
Entwicklung	0.0000
Gastrointenstinal	0.0031
Gehirn	0.0000
Haematopoetisch	0.0039
Herz-Blutgefaesse	0.0000
Lunge	0.0037
Niere	0.0062
Prostata	0.0000
Sinnesorgane	0.0000

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN %Haeufigkeit
Brust	0.0000
Eierstock-Uterus	0.0137
Endokrines_Gewebe	0.0000
Foetal	0.0035
Gastrointestinal	0.0000
Haematopoetisch	0.0057
Haut-Muskel	0.0065
Hoden	0.0078
Lunge	0.0000
Nerven	0.0050
Prostata	0.0000
Sinnesorgane	0.0000

2.1.5

Analog der unter 2.1 beschriebenen Verfahrensweise wurde die Sequenz Seq. ID No. 59 gefunden, die 5x stärker im normalen Prostatagewebe als im Tumorgewebe vorkommt.
Das Ergebnis ist wie folgt:

Elektronischer Northern-Blot für SEQ. ID. NO: 59

	NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse N/T	T/N
Blase	0.0093	0.0051	1.8185	0.5499
Brust	0.0067	0.0022	3.0579	0.3270
Eierstock	0.0000	0.0052	0.0000	undef
Endokrines_Gewebe	0.0091	0.0027	3.3489	0.2986
Gastrointestinal	0.0058	0.0000	undef	0.0000
Gehirn	0.0068	0.0088	0.7741	1.2918
Haematopoetisch	0.0056	0.0000	undef	0.0000
Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
Hepatisch	0.0050	0.0000	undef	0.0000
Herz	0.0053	0.0000	undef	0.0000
Hoden	0.0183	0.0117	1.5671	0.6381
Lunge	0.0062	0.0000	undef	0.0000
Magen-Speiseroehre	0.0097	0.0000	undef	0.0000
Muskel-Skelett	0.0154	0.0180	0.8565	1.1675
Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
Pankreas	0.0057	0.0166	0.3428	2.9168
Penis	0.0030	0.0000	undef	0.0000
Prostata	0.0333	0.0064	5.2203	0.1916
Uterus	0.0132	0.0000	undef	0.0000
Brust-Hyperplasie	0.0145			
Duenndarm	0.0125			
Prostata-Hyperplasie	0.0149			
Samenblase	0.0089			
Sinnesorgane	0.0000			
Weisse_Blutkoerperchen	0.0131			

	FOETUS %Haeufigkeit
Entwicklung	0.0000
Gastrointenstinal	0.0123
Gehirn	0.0000
Haematopoetisch	0.0000
Herz-Blutgefaesse	0.0123
Lunge	0.0148
Niere	0.0062
Prostata	0.0000
Sinnesorgane	0.0000

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN %Haeufigkeit
Brust	0.0272
Eierstock-Uterus	0.0068
Endokrines_Gewebe	0.0245
Foetal	0.0082
Gastrointestinal	0.0244
Haematopoetisch	0.0000
Haut-Muskel	0.0259
Hoden	0.0000
Lunge	0.0000
Nerven	0.0010
Prostata	0.0064
Sinnesorgane	0.0000

In analoger Verfahrensweise wurden auch folgende Northerns gefunden:

Elektronischer Northern-Blot für SEQ. ID No.: 2

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
Blase	0.0418	0.0383	1.0911	0.9165
Brust	0.0267	0.0218	1.2232	0.8176
Eierstock	0.0122	0.0052	2.3372	0.4279
Endokrines_Gewebe	0.0055	0.0109	0.5023	1.9907
Gastrointestinal	0.0136	0.0048	2.8499	0.3509
Gehirn	0.0093	0.0142	0.6550	1.5267
Haematopoetisch	0.0224	0.0000	undef	0.0000
Haut	0.0099	0.0847	0.1175	8.5131
Hepatisch	0.0000	0.0129	0.0000	undef
Herz	0.0180	0.0000	undef	0.0000
Hoden	0.0061	0.0234	0.2612	3.8288
Lunge	0.0137	0.0071	1.9313	0.5178
Magen-Speiseroehre	0.0193	0.0230	0.8399	1.1905
Muskel-Skelett	0.0103	0.0060	1.7130	0.5838
Niere	0.0089	0.0000	undef	0.0000
Pankreas	0.0076	0.0110	0.6857	1.4584
Penis	0.0269	0.0000	undef	0.0000
Prostata	0.0143	0.0021	6.7118	0.1490
Uterus	0.0463	0.0356	1.2997	0.7694
Brust-Hyperplasie	0.0109			
Duenndarm	0.0312			
Prostata-Hyperplasie	0.0238			
Samenblase	0.0267			
Sinnesorgane	0.0353			
Weisse_Blutkoerperchen	0.0174			

	FOETUS
	%Haeufigkeit
Entwicklung	0.0000
Gastrointenstinal	0.0123
Gehirn	0.0125
Haematopoetisch	0.0039
Herz-Blutgefaesse	0.0041
Lunge	0.0370
Niere	0.0124
Prostata	0.0748
Sinnesorgane	0.0000

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
	%Haeufigkeit
Brust	0.1156
Eierstock-Uterus	0.0525
Endokrines_Gewebe	0.0245
Foetal	0.0082
Gastrointestinal	0.0366
Haematopoetisch	0.0000
Haut-Muskel	0.0194
Hoden	0.0000
Lunge	0.0082
Nerven	0.0151
Prostata	0.0385
Sinnesorgane	0.0000

Elektronischer Northern-Blot für SEQ. ID No.: 3

	NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse N/T	T/N
Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
Brust	0.0093	0.0022	4.2811	0.2336
Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
Endokrines_Gewebe	0.0109	0.0027	4.0187	0.2488
Gastrointestinal	0.0039	0.0000	undef	0.0000
Gehirn	0.0068	0.0077	0.8847	1.1303
Haematopoetisch	0.0028	0.0000	undef	0.0000
Haut	0.0050	0.0000	undef	0.0000
Hepatisch	0.0099	0.0065	1.5303	0.6535
Herz	0.0064	0.0000	undef	0.0000
Hoden	0.0061	0.0000	undef	0.0000
Lunge	0.0050	0.0000	undef	0.0000
Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef
Muskel-Skelett	0.0051	0.0000	undef	0.0000
Niere	0.0030	0.0137	0.2171	4.6066
Pankreas	0.0019	0.0000	undef	0.0000
Penis	0.0120	0.0000	undef	0.0000
Prostata	0.0095	0.0043	2.2373	0.4470
Uterus	0.0017	0.0000	undef	0.0000
Brust-Hyperplasie	0.0036			
Duenndarm	0.0000			
Prostata-Hyperplasie	0.0059			
Samenblase	0.0000			
Sinnesorgane	0.0000			
Weisse_Blutkoerperchen	0.0017			

	FOETUS %Haeufigkeit
Entwicklung	0.0154
Gastrointenstinal	0.0031
Gehirn	0.0000
Haematopoetisch	0.0000
Herz-Blutgefaesse	0.0082
Lunge	0.0000
Niere	0.0062
Prostata	0.0000
Sinnesorgane	0.0000

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN %Haeufigkeit
Brust	0.0136
Eierstock-Uterus	0.0068
Endokrines_Gewebe	0.0245
Foetal	0.0035
Gastrointestinal	0.0000
Haematopoetisch	0.0000
Haut-Muskel	0.0162
Hoden	0.0156
Lunge	0.0000
Nerven	0.0030
Prostata	0.0192
Sinnesorgane	0.0000

Elektronischer Northern-Blot für SEQ. ID No.: 4

	NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse N/T	T/N
Blase	0.0093	0.0051	1.8185	0.5499
Brust	0.0053	0.0022	2.4463	0.4088
Eierstock	0.0030	0.0026	1.1686	0.8557
Endokrines_Gewebe	0.0055	0.0000	undef	0.0000
Gastrointestinal	0.0019	0.0000	undef	0.0000
Gehirn	0.0008	0.0055	0.1548	6.4591
Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
Haut	0.0050	0.0000	undef	0.0000
Hepatisch	0.0000	0.0065	0.0000	undef
Herz	0.0053	0.0000	undef	0.0000
Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
Lunge	0.0050	0.0000	undef	0.0000
Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef
Muskel-Skelett	0.0051	0.0000	undef	0.0000
Niere	0.0089	0.0000	undef	0.0000
Pankreas	0.0038	0.0055	0.6857	1.4584
Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
Prostata	0.0048	0.0021	2.2373	0.4470
Uterus	0.0116	0.0000	undef	0.0000
Brust-Hyperplasie	0.0000			
Duenndarm	0.0000			
Prostata-Hyperplasie	0.0178			
Samenblase	0.0000			
Sinnesorgane	0.0000			
Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			

	FOETUS %Haeufigkeit
Entwicklung	0.0000
Gastrointenstinal	0.0000
Gehirn	0.0000
Haematopoetisch	0.0000
Herz-Blutgefaesse	0.0000
Lunge	0.0000
Niere	0.0062
Prostata	0.0000
Sinnesorgane	0.0279

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN %Haeufigkeit
Brust	0.0000
Eierstock-Uterus	0.0137
Endokrines_Gewebe	0.0000
Foetal	0.0134
Gastrointestinal	0.0000
Haematopoetisch	0.0000
Haut-Muskel	0.0518
Hoden	0.0000
Lunge	0.0000
Nerven	0.0060
Prostata	0.0128
Sinnesorgane	0.0000

Elektronischer Northern-Blot für SEQ. ID No.: 6

	NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse N/T	T/N
Blase	0.0046	0.0026	1.8185	0.5499
Brust	0.0053	0.0022	2.4463	0.4088
Eierstock	0.0030	0.0026	1.1686	0.8557
Endokrines_Gewebe	0.0055	0.0109	0.5023	1.9907
Gastrointestinal	0.0136	0.0048	2.8499	0.3509
Gehirn	0.0068	0.0066	1.0321	0.9689
Haematopoetisch	0.0098	0.0000	undef	0.0000
Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
Hepatisch	0.0050	0.0129	0.3826	2.6139
Herz	0.0074	0.0000	undef	0.0000
Hoden	0.0061	0.0117	0.5224	1.9144
Lunge	0.0100	0.0024	4.2137	0.2373
Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef
Muskel-Skelett	0.0051	0.0000	undef	0.0000
Niere	0.0059	0.0068	0.8683	1.1517
Pankreas	0.0170	0.0055	3.0855	0.3241
Penis	0.0030	0.0000	undef	0.0000
Prostata	0.0095	0.0021	4.4745	0.2235
Uterus	0.0017	0.0142	0.1160	8.6176
Brust-Hyperplasie	0.0036			
Duenndarm	0.0062			
Prostata-Hyperplasie	0.0000			
Samenblase	0.0000			
Sinnesorgane	0.0000			
Weisse_Blutkoerperchen	0.0096			

	FOETUS %Haeufigkeit
Entwicklung	0.0000
Gastrointenstinal	0.0000
Gehirn	0.0125
Haematopoetisch	0.0079
Herz-Blutgefaesse	0.0123
Lunge	0.0037
Niere	0.0062
Prostata	0.0000
Sinnesorgane	0.0000

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN %Haeufigkeit
Brust	0.0204
Eierstock-Uterus	0.0205
Endokrines_Gewebe	0.0000
Foetal	0.0052
Gastrointestinal	0.0000
Haematopoetisch	0.0057
Haut-Muskel	0.0130
Hoden	0.0234
Lunge	0.0000
Nerven	0.0070
Prostata	0.0128
Sinnesorgane	0.0000

Elektronischer Northern-Biot fur SEQ. ID No.: 7

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
Blase	0.0093	0.0077	1.2123	0.8249
Brust	0.0107	0.0131	0.8154	1.2263
Eierstock	0.0030	0.0078	0.3895	2.5671
Endokrines_Gewebe	0.0146	0.0000	undef	0.0000
Gastrointestinal	0.0097	0.0143	0.6786	1.4737
Gehirn	0.0170	0.0088	1.9353	0.5167
Haematopoetisch	0.0098	0.0378	0.2587	3.8650
Haut	0.0298	0.0000	undef	0.0000
Hepatisch	0.0000	0.0194	0.0000	undef
Herz	0.0159	0.0137	1.1561	0.8650
Hoden	0.0061	0.0000	undef	0.0000
Lunge	0.0112	0.0142	0.7901	1.2657
Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0153	0.0000	undef
Muskel-Skelett	0.0051	0.0060	0.8565	1.1675
Niere	0.0178	0.0068	2.6050	0.3839
Pankreas	0.0038	0.0387	0.0980	10.2089
Penis	0.0120	0.0000	undef	0.0000
Prostata	0.0095	0.0021	4.4745	0.2235
Uterus	0.0099	0.0000	undef	0.0000
Brust-Hyperplasie	0.0109			
Duenndarm	0.0125			
Prostata-Hyperplasie	0.0119			
Samenblase	0.0356			
Sinnesorgane	0.0000			
Weisse_Blutkoerperchen	0.0096			

	FOETUS
	%Haeufigkeit
Entwicklung	0.0000
Gastrointenstinal	0.0031
Gehirn	0.0188
Haematopoetisch	0.0039
Herz-Blutgefaesse	0.0000
Lunge	0.0148
Niere	0.0185
Prostata	0.0000
Sinnesorgane	0.0000

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
	%Haeufigkeit
Brust	0.0068
Eierstock-Uterus	0.0068
Endokrines_Gewebe	0.0000
Foetal	0.0023
Gastrointestinal	0.0244
Haematopoetisch	0.0057
Haut-Muskel	0.0162
Hoden	0.0078
Lunge	0.0492
Nerven	0.0161
Prostata	0.0192
Sinnesorgane	0.0077

Elektronischer Northern-Blot für SEQ. ID No.: 8

	NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse N/T	T/N
Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
Brust	0.0120	0.0109	1.1008	0.9084
Eierstock	0.0061	0.0052	1.1686	0.8557
Endokrines_Gewebe	0.0146	0.0136	1.0716	0.9331
Gastrointestinal	0.0155	0.0143	1.0857	0.9211
Gehirn	0.0136	0.0142	0.9527	1.0496
Haematopoetisch	0.0042	0.0000	undef	0.0000
Haut	0.0149	0.0000	undef	0.0000
Hepatisch	0.0050	0.0065	0.7651	1.3069
Herz	0.0170	0.0000	undef	0.0000
Hoden	0.0000	0.0117	0.0000	undef
Lunge	0.0112	0.0095	1.1851	0.8438
Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef
Muskel-Skelett	0.0051	0.0060	0.8565	1.1675
Niere	0.0119	0.0068	1.7366	0.5758
Pankreas	0.0038	0.0000	undef	0.0000
Penis	0.0120	0.0000	undef	0.0000
Prostata	0.0143	0.0064	2.2373	0.4470
Uterus	0.0033	0.0000	undef	0.0000
Brust-Hyperplasie	0.0036			
Duenndarm	0.0000			
Prostata-Hyperplasie	0.0030			
Samenblase	0.0089			
Sinnesorgane	0.0000			
Weisse_Blutkoerperchen	0.0113			

	FOETUS %Haeufigkeit
Entwicklung	0.0000
Gastrointenstinal	0.0123
Gehirn	0.0063
Haematopoetisch	0.0000
Herz-Blutgefaesse	0.0164
Lunge	0.0037
Niere	0.0185
Prostata	0.0000
Sinnesorgane	0.0000

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN %Haeufigkeit
Brust	0.0068
Eierstock-Uterus	0.0046
Endokrines_Gewebe	0.0000
Foetal	0.0070
Gastrointestinal	0.0122
Haematopoetisch	0.0114
Haut-Muskel	0.0291
Hoden	0.0156
Lunge	0.0082
Nerven	0.0191
Prostata	0.0064
Sinnesorgane	0.0155

Elektronischer Northern-Blot für SEQ. ID No.: 9

	NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse N/T	T/N
Blase	0.0232	0.0026	9.0924	0.1100
Brust	0.0187	0.0087	2.1405	0.4672
Eierstock	0.0122	0.0156	0.7791	1.2836
Endokrines_Gewebe	0.0219	0.0136	1.6075	0.6221
Gastrointestinal	0.0116	0.0190	0.6107	1.6375
Gehirn	0.0119	0.0142	0.8337	1.1995
Haematopoetisch	0.0126	0.0000	undef	0.0000
Haut	0.0199	0.0000	undef	0.0000
Hepatisch	0.0099	0.0000	undef	0.0000
Herz	0.0159	0.0137	1.1561	0.8650
Hoden	0.0122	0.0351	0.3482	2.8716
Lunge	0.0187	0.0378	0.4938	2.0251
Magen-Speiseroehre	0.0097	0.0307	0.3150	3.1748
Muskel-Skelett	0.0103	0.0120	0.8565	1.1675
Niere	0.0238	0.0000	undef	0.0000
Pankreas	0.0076	0.0055	1.3713	0.7292
Penis	0.0180	0.0267	0.6739	1.4840
Prostata	0.0214	0.0085	2.5169	0.3973
Uterus	0.0132	0.0285	0.4642	2.1544
Brust-Hyperplasie	0.0291			
Duenndarm	0.0156			
Prostata-Hyperplasie	0.0268			
Samenblase	0.0356			
Sinnesorgane	0.0235			
Weisse_Blutkoerperchen	0.0131			

	FOETUS %Haeufigkeit
Entwicklung	0.0307
Gastrointenstinal	0.0247
Gehirn	0.0063
Haematopoetisch	0.0236
Herz-Blutgefaesse	0.0286
Lunge	0.0111
Niere	0.0371
Prostata	0.0997
Sinnesorgane	0.0279

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN %Haeufigkeit
Brust	0.0068
Eierstock-Uterus	0.0023
Endokrines_Gewebe	0.0000
Foetal	0.0064
Gastrointestinal	0.0122
Haematopoetisch	0.0057
Haut-Muskel	0.0065
Hoden	0.0312
Lunge	0.0082
Nerven	0.0050
Prostata	0.0064
Sinnesorgane	0.0000

Elektronischer Northern-Blot für SEQ. ID No.: 12

	NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse N/T	T/N
Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
Brust	0.0027	0.0044	0.6116	1.6351
Eierstock	0.0000	0.0156	0.0000	undef
Endokrines_Gewebe	0.0018	0.0027	0.6698	1.4930
Gastrointestinal	0.0078	0.0000	undef	0.0000
Gehirn	0.0034	0.0011	3.0964	0.3230
Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
Haut	0.0050	0.0000	undef	0.0000
Hepatisch	0.0050	0.0000	undef	0.0000
Herz	0.0053	0.0000	undef	0.0000
Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
Lunge	0.0112	0.0000	undef	0.0000
Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef
Muskel-Skelett	0.0034	0.0060	0.5710	1.7513
Niere	0.0089	0.0068	1.3025	0.7678
Pankreas	0.0076	0.0000	undef	0.0000
Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
Prostata	0.0048	0.0021	2.2373	0.4470
Uterus	0.0017	0.0000	undef	0.0000
Brust-Hyperplasie	0.0036			
Duenndarm	0.0156			
Prostata-Hyperplasie	0.0089			
Samenblase	0.0000			
Sinnesorgane	0.0000			
Weisse_Blutkoerperchen	0.0052			

	FOETUS %Haeufigkeit
Entwicklung	0.0000
Gastrointenstinal	0.0031
Gehirn	0.0000
Haematopoetisch	0.0000
Herz-Blutgefaesse	0.0000
Lunge	0.0074
Niere	0.0000
Prostata	0.0000
Sinnesorgane	0.0140

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN %Haeufigkeit
Brust	0.0000
Eierstock-Uterus	0.0046
Endokrines_Gewebe	0.0000
Foetal	0.0047
Gastrointestinal	0.0000
Haematopoetisch	0.0057
Haut-Muskel	0.0130
Hoden	0.0156
Lunge	0.0000
Nerven	0.0030
Prostata	0.0064
Sinnesorgane	0.0000

Elektronischer Northern-Blot für SEQ. ID No.: 13

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
Blase	0.0000	0.0128	0.0000	undef
Brust	0.0120	0.0000	undef	0.0000
Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
Endokrines_Gewebe	0.0036	0.0000	undef	0.0000
Gastrointestinal	0.0039	0.0000	undef	0.0000
Gehirn	0.0017	0.0066	0.2580	3.8754
Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
Haut	0.0050	0.0000	undef	0.0000
Hepatisch	0.0000	0.0129	0.0000	undef
Herz	0.0074	0.0000	undef	0.0000
Hoden	0.0000	0.0117	0.0000	undef
Lunge	0.0087	0.0071	1.2290	0.8137
Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef
Muskel-Skelett	0.0086	0.0060	1.4275	0.7005
Niere	0.0000	0.0137	0.0000	undef
Pankreas	0.0038	0.0000	undef	0.0000
Penis	0.0150	0.0000	undef	0.0000
Prostata	0.0048	0.0021	2.2373	0.4470
Uterus	0.0066	0.0071	0.9283	1.0772
Brust-Hyperplasie	0.0218			
Duenndarm	0.0062			
Prostata-Hyperplasie	0.0030			
Samenblase	0.0089			
Sinnesorgane	0.0353			
Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			

	FOETUS
	%Haeufigkeit
Entwicklung	0.0000
Gastrointenstinal	0.0000
Gehirn	0.0000
Haematopoetisch	0.0000
Herz-Blutgefaesse	0.0041
Lunge	0.0000
Niere	0.0000
Prostata	0.0000
Sinnesorgane	0.0000

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
	%Haeufigkeit
Brust	0.0000
Eierstock-Uterus	0.0023
Endokrines_Gewebe	0.0000
Foetal	0.0017
Gastrointestinal	0.0000
Haematopoetisch	0.0000
Haut-Muskel	0.0000
Hoden	0.0000
Lunge	0.0000
Nerven	0.0060
Prostata	0.0000
Sinnesorgane	0.0000

Elektronischer Northern-Blot für SEQ. ID No.: 14

	NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse N/T	T/N
Blase	0.0046	0.0051	0.9092	1.0998
Brust	0.0027	0.0000	undef	0.0000
Eierstock	0.0091	0.0000	undef	0.0000
Endokrines_Gewebe	0.0018	0.0000	undef	0.0000
Gastrointestinal	0.0039	0.0000	undef	0.0000
Gehirn	0.0025	0.0022	1.1612	0.8612
Haematopoetisch	0.0014	0.0000	undef	0.0000
Haut	0.0050	0.0000	undef	0.0000
Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
Herz	0.0021	0.0137	0.1541	6.4872
Hoden	0.0000	0.0117	0.0000	undef
Lunge	0.0012	0.0024	0.5267	1.8986
Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef
Muskel-Skelett	0.0051	0.0000	undef	0.0000
Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
Prostata	0.0167	0.0000	undef	0.0000
Uterus	0.0017	0.0071	0.2321	4.3088
Brust-Hyperplasie	0.0000			
Duenndarm	0.0000			
Prostata-Hyperplasie	0.0030			
Samenblase	0.0000			
Sinnesorgane	0.0000			
Weisse_Blutkoerperchen	0.0052			

	FOETUS %Haeufigkeit
Entwicklung	0.0000
Gastrointenstinal	0.0000
Gehirn	0.0000
Haematopoetisch	0.0000
Herz-Blutgefaesse	0.0000
Lunge	0.0000
Niere	0.0000
Prostata	0.0000
Sinnesorgane	0.0000

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN %Haeufigkeit
Brust	0.0000
Eierstock-Uterus	0.0000
Endokrines_Gewebe	0.0000
Foetal	0.0012
Gastrointestinal	0.0000
Haematopoetisch	0.0000
Haut-Muskel	0.0000
Hoden	0.0078
Lunge	0.0000
Nerven	0.0020
Prostata	0.0192
Sinnesorgane	0.0000

Elektronischer Northern-Blot für SEQ. ID No.: 16

	NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse N/T	T/N
Blase	0.0046	0.0000	undef	0.0000
Brust	0.0120	0.0022	5.5042	0.1817
Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
Gastrointestinal	0.0019	0.0048	0.4071	2.4562
Gehirn	0.0085	0.0219	0.3871	2.5836
Haematopoetisch	0.0014	0.0000	undef	0.0000
Haut	0.0050	0.0000	undef	0.0000
Hepatisch	0.0000	0.0259	0.0000	undef
Herz	0.0032	0.0000	undef	0.0000
Hoden	0.0122	0.0000	undef	0.0000
Lunge	0.0037	0.0000	undef	0.0000
Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef
Muskel-Skelett	0.0223	0.0000	undef	0.0000
Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
Penis	0.0150	0.0000	undef	0.0000
Prostata	0.0071	0.0000	undef	0.0000
Uterus	0.0182	0.0000	undef	0.0000
Brust-Hyperplasie	0.0036			
Duenndarm	0.0000			
Prostata-Hyperplasie	0.0089			
Samenblase	0.0267			
Sinnesorgane	0.0000			
Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			

	FOETUS %Haeufigkeit
Entwicklung	0.0000
Gastrointenstinal	0.0062
Gehirn	0.0000
Haematopoetisch	0.0000
Herz-Blutgefaesse	0.0041
Lunge	0.0037
Niere	0.0124
Prostata	0.0000
Sinnesorgane	0.0000

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN %Haeufigkeit
Brust	0.0272
Eierstock-Uterus	0.0046
Endokrines_Gewebe	0.0245
Foetal	0.0047
Gastrointestinal	0.0000
Haematopoetisch	0.0000
Haut-Muskel	0.0000
Hoden	0.0000
Lunge	0.0000
Nerven	0.0050
Prostata	0.0128
Sinnesorgane	0.0000

Elektronischer Northern-Blot für SEQ. ID No.: 17

	NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkei	Verhaeltnisse N/T	T/N
Blase	0.0093	0.0026	3.6370	0.2750
Brust	0.0053	0.0065	0.8154	1.2263
Eierstock	0.0000	0.0104	0.0000	undef
Endokrines_Gewebe	0.0091	0.0000	undef	0.0000
Gastrointestinal	0.0019	0.0048	0.4071	2.4562
Gehirn	0.0017	0.0022	0.7741	1.2918
Haematopoetisch	0.0042	0.0378	0.1109	9.0183
Haut	0.0050	0.0000	undef	0.0000
Hepatisch	0.0000	0.0065	0.0000	undef
Herz	0.0106	0.0000	undef	0.0000
Hoden	0.0061	0.0000	undef	0.0000
Lunge	0.0112	0.0071	1.5801	0.6329
Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef
Muskel-Skelett	0.0086	0.0060	1.4275	0.7005
Niere	0.0059	0.0068	0.8683	1.1517
Pankreas	0.0057	0.0000	undef	0.0000
Penis	0.0030	0.0000	undef	0.0000
Prostata	0.0095	0.0043	2.2373	0.4470
Uterus	0.0050	0.0071	0.6963	1.4363
Brust-Hyperplasie	0.0000			
Duenndarm	0.0031			
Prostata-Hyperplasie	0.0089			
Samenblase	0.0089			
Sinnesorgane	0.0118			
Weisse_Blutkoerperchen	0.0044			

	FOETUS %Haeufigkeit
Entwicklung	0.0000
Gastrointenstinal	0.0000
Gehirn	0.0063
Haematopoetisch	0.0039
Herz-Blutgefaesse	0.0000
Lunge	0.0000
Niere	0.0062
Prostata	0.0000
Sinnesorgane	0.0000

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN %Haeufigkeit
Brust	0.0000
Eierstock-Uterus	0.0000
Endokrines_Gewebe	0.0000
Foetal	0.0000
Gastrointestinal	0.0000
Haematopoetisch	0.0000
Haut-Muskel	0.0032
Hoden	0.0000
Lunge	0.0164
Nerven	0.0010
Prostata	0.0128
Sinnesorgane	0.0387

Elektronischer Northern-Blot für SEQ. ID No.: 19

	NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse N/T	T/N
Blase	0.0093	0.0128	0.7274	1.3748
Brust	0.0080	0.0065	1.2232	0.8176
Eierstock	0.0091	0.0000	undef	0.0000
Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
Gastrointestinal	0.0039	0.0000	undef	0.0000
Gehirn	0.0042	0.0044	0.9676	1.0335
Haematopoetisch	0.0070	0.0000	undef	0.0000
Haut	0.0050	0.0000	undef	0.0000
Hepatisch	0.0000	0.0065	0.0000	undef
Herz	0.0032	0.0137	0.2312	4.3248
Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
Lunge	0.0037	0.0118	0.3160	3.1643
Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0153	0.0000	undef
Muskel-Skelett	0.0051	0.0000	undef	0.0000
Niere	0.0089	0.0000	undef	0.0000
Pankreas	0.0019	0.0055	0.3428	2.9168
Penis	0.0030	0.0000	undef	0.0000
Prostata	0.0119	0.0064	1.8644	0.5364
Uterus	0.0099	0.0000	undef	0.0000
Brust-Hyperplasie	0.0036			
Duenndarm	0.0000			
Prostata-Hyperplasie	0.0089			
Samenblase	0.0178			
Sinnesorgane	0.0000			
Weisse_Blutkoerperchen	0.0044			

	FOETUS %Haeufigkeit
Entwicklung	0.0000
Gastrointenstinal	0.0062
Gehirn	0.0000
Haematopoetisch	0.0157
Herz-Blutgefaesse	0.0082
Lunge	0.0037
Niere	0.0000
Prostata	0.0000
Sinnesorgane	0.0000

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN %Haeufigkeit
Brust	0.0068
Eierstock-Uterus	0.0000
Endokrines_Gewebe	0.0000
Foetal	0.0047
Gastrointestinal	0.0000
Haematopoetisch	0.0000
Haut-Muskel	0.0000
Hoden	0.0000
Lunge	0.0000
Nerven	0.0000
Prostata	0.0192
Sinnesorgane	0.0155

Elektronischer Northern-Blot für SEQ. ID No.: 21

	NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse N/T	T/N
Blase	0.0046	0.0128	0.3637	2.7495
Brust	0.0013	0.0087	0.1529	6.5404
Eierstock	0.0061	0.0104	0.5843	1.7114
Endokrines_Gewebe	0.0128	0.0136	0.9377	1.0664
Gastrointestinal	0.0078	0.0143	0.5428	1.8422
Gehirn	0.0102	0.0131	0.7741	1.2918
Haematopoetisch	0.0042	0.0000	undef	0.0000
Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
Hepatisch	0.0000	0.0129	0.0000	undef
Herz	0.0117	0.0000	undef	0.0000
Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
Lunge	0.0025	0.0165	0.1505	6.6450
Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0230	0.0000	undef
Muskel-Skelett	0.0120	0.0120	0.9993	1.0007
Niere	0.0178	0.0068	2.6050	0.3839
Pankreas	0.0076	0.0110	0.6857	1.4584
Penis	0.0090	0.0267	0.3369	2.9680
Prostata	0.0167	0.0064	2.6101	0.3831
Uterus	0.0066	0.0214	0.3094	3.2316
Brust-Hyperplasie	0.0000			
Duenndarm	0.0093			
Prostata-Hyperplasie	0.0208			
Samenblase	0.0267			
Sinnesorgane	0.0000			
Weisse_Blutkoerperchen	0.0044			

	FOETUS %Haeufigkeit
Entwicklung	0.0000
Gastrointenstinal	0.0247
Gehirn	0.0188
Haematopoetisch	0.0079
Herz-Blutgefaesse	0.0245
Lunge	0.0037
Niere	0.0247
Prostata	0.0499
Sinnesorgane	0.0000

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN %Haeufigkeit
Brust	0.0136
Eierstock-Uterus	0.0046
Endokrines_Gewebe	0.0000
Foetal	0.0134
Gastrointestinal	0.0000
Haematopoetisch	0.0114
Haut-Muskel	0.0259
Hoden	0.0000
Lunge	0.0000
Nerven	0.0100
Prostata	0.0000
Sinnesorgane	0.0000

Elektronischer Northern-Blot für SEQ. ID No.: 23

	NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse N/T	T/N
Blase	0.0093	0.0000	undef	0.0000
Brust	0.0013	0.0087	0.1529	6.5404
Eierstock	0.0030	0.0078	0.3895	2.5671
Endokrines_Gewebe	0.0036	0.0054	0.6698	1.4930
Gastrointestinal	0.0039	0.0048	0.8143	1.2281
Gehirn	0.0025	0.0033	0.7741	1.2918
Haematopoetisch	0.0028	0.0000	undef	0.0000
Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
Herz	0.0021	0.0000	undef	0.0000
Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
Lunge	0.0025	0.0047	0.5267	1.8986
Magen-Speiseroehre	0.0097	0.0000	undef	0.0000
Muskel-Skelett	0.0017	0.0060	0.2855	3.5025
Niere	0.0089	0.0068	1.3025	0.7678
Pankreas	0.0095	0.0055	1.7142	0.5834
Penis	0.0030	0.0000	undef	0.0000
Prostata	0.0024	0.0000	undef	0.0000
Uterus	0.0000	0.0000	undef	undef
Brust-Hyperplasie	0.0000			
Duenndarm	0.0000			
Prostata-Hyperplasie	0.0149			
Samenblase	0.0000			
Sinnesorgane	0.0000			
Weisse_Blutkoerperchen	0.0017			

	FOETUS %Haeufigkeit
Entwicklung	0.0000
Gastrointenstinal	0.0031
Gehirn	0.0000
Haematopoetisch	0.0000
Herz-Blutgefaesse	0.0123
Lunge	0.0000
Niere	0.0000
Prostata	0.0000
Sinnesorgane	0.0000

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN %Haeufigkeit
Brust	0.0000
Eierstock-Uterus	0.0000
Endokrines_Gewebe	0.0000
Foetal	0.0000
Gastrointestinal	0.0000
Haematopoetisch	0.0000
Haut-Muskel	0.0000
Hoden	0.0000
Lunge	0.0082
Nerven	0.0010
Prostata	0.0192
Sinnesorgane	0.0000

Elektronischer Northern-Blot für SEQ. ID No.: 26

	NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse N/T	T/N
Blase	0.0000	0.0026	0.0000	undef
Brust	0.0027	0.0044	0.6116	1.6351
Eierstock	0.0061	0.0052	1.1686	0.8557
Endokrines_Gewebe	0.0109	0.0027	4.0187	0.2488
Gastrointestinal	0.0019	0.0000	undef	0.0000
Gehirn	0.0068	0.0011	6.1928	0.1615
Haematopoetisch	0.0028	0.0000	undef	0.0000
Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
Hepatisch	0.0000	0.0129	0.0000	undef
Herz	0.0021	0.0000	undef	0.0000
Hoden	0.0122	0.0000	undef	0.0000
Lunge	0.0012	0.0071	0.1756	5.6957
Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0077	0.0000	undef
Muskel-Skelett	0.0017	0.0060	0.2855	3.5025
Niere	0.0030	0.0068	0.4342	2.3033
Pankreas	0.0019	0.0000	undef	0.0000
Penis	0.0030	0.0000	undef	0.0000
Prostata	0.0119	0.0000	undef	0.0000
Uterus	0.0033	0.0000	undef	0.0000
Brust-Hyperplasie	0.0000			
Duenndarm	0.0000			
Prostata-Hyperplasie	0.0000			
Samenblase	0.0000			
Sinnesorgane	0.0000			
Weisse_Blutkoerperchen	0.0017			

	FOETUS %Haeufigkeit
Entwicklung	0.0000
Gastrointenstinal	0.0062
Gehirn	0.0000
Haematopoetisch	0.0039
Herz-Blutgefaesse	0.0000
Lunge	0.0000
Niere	0.0000
Prostata	0.0000
Sinnesorgane	0.0000

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN %Haeufigkeit
Brust	0.0068
Eierstock-Uterus	0.0183
Endokrines_Gewebe	0.0000
Foetal	0.0122
Gastrointestinal	0.0000
Haematopoetisch	0.0000
Haut-Muskel	0.0032
Hoden	0.0078
Lunge	0.0000
Nerven	0.0030
Prostata	0.0064
Sinnesorgane	0.0000

Elektronischer Northern-Blot für SEQ. ID No.: 27

	NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse N/T	T/N
Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
Brust	0.0027	0.0022	1.2232	0.8176
Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
Endokrines_Gewebe	0.0018	0.0027	0.6698	1.4930
Gastrointestinal	0.0019	0.0000	undef	0.0000
Gehirn	0.0025	0.0022	1.1612	0.8612
Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
Herz	0.0011	0.0000	undef	0.0000
Hoden	0.0000	0.0117	0.0000	undef
Lunge	0.0025	0.0000	undef	0.0000
Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef
Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
Pankreas	0.0019	0.0000	undef	0.0000
Penis	0.0030	0.0000	undef	0.0000
Prostata	0.0071	0.0000	undef	0.0000
Uterus	0.0000	0.0000	undef	undef
Brust-Hyperplasie	0.0036			
Duenndarm	0.0000			
Prostata-Hyperplasie	0.0000			
Samenblase	0.0000			
Sinnesorgane	0.0000			
Weisse_Blutkoerperchen	0.0017			

	FOETUS %Haeufigkeit
Entwicklung	0.0000
Gastrointenstinal	0.0000
Gehirn	0.0063
Haematopoetisch	0.0000
Herz-Blutgefaesse	0.0000
Lunge	0.0037
Niere	0.0062
Prostata	0.0000
Sinnesorgane	0.0000

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN %Haeufigkeit
Brust	0.0000
Eierstock-Uterus	0.0046
Endokrines_Gewebe	0.0000
Foetal	0.0029
Gastrointestinal	0.0000
Haematopoetisch	0.0000
Haut-Muskel	0.0065
Hoden	0.0000
Lunge	0.0000
Nerven	0.0030
Prostata	0.0192
Sinnesorgane	0.0077

Elektronischer Northern-Blot für SEQ. ID No.: 28

	NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse N/T	T/N
Blase	0.0000	0.0051	0.0000	undef
Brust	0.0040	0.0000	undef	0.000
Eierstock	0.0030	0.0052	0.5843	1.7114
Endokrines_Gewebe	0.0036	0.0027	1.3396	0.7465
Gastrointestinal	0.0058	0.0048	1.2214	0.8187
Gehirn	0.0017	0.0022	0.7741	1.2918
Haematopoetisch	0.0028	0.0000	undef	0.0000
Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
Hepatisch	0.0000	0.0129	0.0000	undef
Herz	0.0064	0.0000	undef	0.0000
Hoden	0.0183	0.0000	undef	0.0000
Lunge	0.0050	0.0024	2.1069	0.4746
Magen-Speiseroehre	0.0097	0.0077	1.2599	0.7937
Muskel-Skelett	0.0034	0.0000	undef	0.0000
Niere	0.0059	0.0000	undef	0.0000
Pankreas	0.0019	0.0110	0.1714	5.8337
Penis	0.0030	0.0000	undef	0.0000
Prostata	0.0119	0.0043	2.7966	0.3576
Uterus	0.0017	0.0000	undef	0.0000
Brust-Hyperplasie	0.0000			
Duenndarm	0.0000			
Prostata-Hyperplasie	0.0030			
Samenblase	0.0000			
Sinnesorgane	0.0000			
Weisse_Blutkoerperchen	0.0026			

	FOETUS %Haeufigkeit
Entwicklung	0.0154
Gastrointenstinal	0.0031
Gehirn	0.0063
Haematopoetisch	0.0000
Herz-Blutgefaesse	0.0041
Lunge	0.0000
Niere	0.0000
Prostata	0.0249
Sinnesorgane	0.0000

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN %Haeufigkeit
Brust	0.0000
Eierstock-Uterus	0.0000
Endokrines_Gewebe	0.0000
Foetal	0.0041
Gastrointestinal	0.0000
Haematopoetisch	0.0000
Haut-Muskel	0.0000
Hoden	0.0000
Lunge	0.0000
Nerven	0.0000
Prostata	0.0192
Sinnesorgane	0.0000

Elektronischer Northern-Blot für SEQ. ID No.: 29

	NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse N/T	T/N
Blase	0.0000	0.0051	0.0000	undef
Brust	0.0000	0.0000	undef	undef
Eierstock	0.0000	0.0052	0.0000	undef
Endokrines_Gewebe	0.0055	0.0000	undef	0.0000
Gastrointestinal	0.0019	0.0000	undef	0.0000
Gehirn	0.0093	0.0022	4.2576	0.2349
Haematopoetisch	0.0028	0.0000	undef	0.0000
Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
Hepatisch	0.0050	0.0065	0.7651	1.3069
Herz	0.0042	0.0000	undef	0.0000
Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
Lunge	0.0025	0.0000	undef	0.0000
Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0077	0.0000	undef
Muskel-Skelett	0.0017	0.0000	undef	0.0000
Niere	0.0059	0.0000	undef	0.0000
Pankreas	0.0000	0.0055	0.0000	undef
Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
Prostata	0.0048	0.0000	undef	0.0000
Uterus	0.0066	0.0000	undef	0.0000
Brust-Hyperplasie	0.0000			
Duenndarm	0.0031			
Prostata-Hyperplasie	0.0089			
Samenblase	0.0000			
Sinnesorgane	0.0000			
Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			

	FOETUS %Haeufigkeit
Entwicklung	0.0154
Gastrointenstinal	0.0031
Gehirn	0.0000
Haematopoetisch	0.0000
Herz-Blutgefaesse	0.0000
Lunge	0.0000
Niere	0.0000
Prostata	0.0000
Sinnesorgane	0.0000

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN %Haeufigkeit
Brust	0.0000
Eierstock-Uterus	0.0137
Endokrines_Gewebe	0.0000
Foetal	0.0017
Gastrointestinal	0.0000
Haematopoetisch	0.0000
Haut-Muskel	0.0000
Hoden	0.0078
Lunge	0.0000
Nerven	0.0141
Prostata	0.0256
Sinnesorgane	0.0077

Elektronischer Northern-Blot für SEQ. ID No.: 31

	NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse N/T	T/N
Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
Brust	0.0000	0.0000	undef	undef
Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
Endokrines_Gewebe	0.0018	0.0000	undef	0.0000
Gastrointestinal	0.0019	0.0048	0.4071	2.4562
Gehirn	0.0000	0.0022	0.0000	undef
Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
Lunge	0.0000	0.0024	0.0000	undef
Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef
Muskel-Skelett	0.0017	0.0000	undef	0.0000
Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
Pankreas	0.0019	0.0000	undef	0.0000
Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
Prostata	0.0095	0.0000	undef	0.0000
Uterus	0.0000	0.0000	undef	undef
Brust-Hyperplasie	0.0073			
Duenndarm	0.0000			
Prostata-Hyperplasie	0.0000			
Samenblase	0.0000			
Sinnesorgane	0.0000			
Weisse_Blutkoerperchen	0.0009			

	FOETUS %Haeufigkeit
Entwicklung	0.0000
Gastrointenstinal	0.0000
Gehirn	0.0000
Haematopoetisch	0.0000
Herz-Blutgefaesse	0.0000
Lunge	0.0037
Niere	0.0000
Prostata	0.0000
Sinnesorgane	0.0000

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN %Haeufigkeit
Brust	0.0000
Eierstock-Uterus	0.0000
Endokrines_Gewebe	0.0000
Foetal	0.0029
Gastrointestinal	0.0122
Haematopoetisch	0.0000
Haut-Muskel	0.0000
Hoden	0.0000
Lunge	0.0000
Nerven	0.0000
Prostata	0.0064
Sinnesorgane	0.0000

Elektronischer Northern-Blot für SEQ. ID No.: 32

	NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse N/T	T/N
Blase	0.0000	0.0026	0.0000	undef
Brust	0.0027	0.0022	1.2232	0.8176
Eierstock	0.0091	0.0078	1.1686	0.8557
Endokrines_Gewebe	0.0055	0.0136	0.4019	2.4884
Gastrointestinal	0.0019	0.0095	0.2036	4.9124
Gehirn	0.0076	0.0044	1.7417	0.5741
Haematopoetisch	0.0028	0.0000	undef	0.0000
Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
Hepatisch	0.0050	0.0000	undef	0.0000
Herz	0.0021	0.0000	undef	0.0000
Hoden	0.0122	0.0000	undef	0.0000
Lunge	0.0012	0.0000	undef	0.0000
Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef
Muskel-Skelett	0.0017	0.0180	0.0952	10.5076
Niere	0.0030	0.0068	0.4342	2.3033
Pankreas	0.0019	0.0000	undef	0.0000
Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
Prostata	0.0048	0.0000	undef	0.0000
Uterus	0.0017	0.0142	0.1160	8.6176
Brust-Hyperplasie	0.0109			
Duenndarm	0.0062			
Prostata-Hyperplasie	0.0030			
Samenblase	0.0000			
Sinnesorgane	0.0000			
Weisse_Blutkoerperchen	0.0017			

	FOETUS %Haeufigkeit
Entwicklung	0.0000
Gastrointenstinal	0.0154
Gehirn	0.0125
Haematopoetisch	0.0000
Herz-Blutgefaesse	0.0000
Lunge	0.0000
Niere	0.0062
Prostata	0.0000
Sinnesorgane	0.0140

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN %Haeufigkeit
Brust	0.0000
Eierstock-Uterus	0.0046
Endokrines_Gewebe	0.0000
Foetal	0.0128
Gastrointestinal	0.0000
Haematopoetisch	0.0057
Haut-Muskel	0.0097
Hoden	0.0468
Lunge	0.0082
Nerven	0.0060
Prostata	0.0192
Sinnesorgane	0.0232

Elektronischer Northern-Blot für SEQ. ID No.: 33

	NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse N/T	T/N
Blase	0.0046	0.0026	1.8185	0.5499
Brust	0.0013	0.0022	0.6116	1.6351
Eierstock	0.0000	0.0026	0.0000	undef
Endokrines_Gewebe	0.0055	0.0000	undef	0.0000
Gastrointestinal	0.0019	0.0000	undef	0.0000
Gehirn	0.0042	0.0077	0.5529	1.8085
Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
Hepatisch	0.0000	0.0129	0.0000	undef
Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
Hoden	0.0000	0.0117	0.0000	undef
Lunge	0.0025	0.0047	0.5267	1.8986
Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef
Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
Niere	0.0030	0.0000	undef	0.0000
Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
Penis	0.0030	0.0000	undef	0.0000
Prostata	0.0071	0.0021	3.3559	0.2980
Uterus	0.0017	0.0000	undef	0.0000
Brust-Hyperplasie	0.0000			
Duenndarm	0.0062			
Prostata-Hyperplasie	0.0119			
Samenblase	0.0000			
Sinnesorgane	0.0000			
Weisse_Blutkoerperchen	0.0017			

	FOETUS %Haeufigkeit
Entwicklung	0.0000
Gastrointenstinal	0.0000
Gehirn	0.0063
Haematopoetisch	0.0039
Herz-Blutgefaesse	0.0041
Lunge	0.0000
Niere	0.0062
Prostata	0.0000
Sinnesorgane	0.0000

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN %Haeufigkeit
Brust	0.0000
Eierstock-Uterus	0.0023
Endokrines_Gewebe	0.0000
Foetal	0.0017
Gastrointestinal	0.0244
Haematopoetisch	0.0000
Haut-Muskel	0.0000
Hoden	0.0000
Lunge	0.0000
Nerven	0.0030
Prostata	0.0000
Sinnesorgane	0.0000

Elektronischer Northern-Blot für SEQ. ID No.: 35

	NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse N/T	T/N
Blase	0.0000	0.0026	0.0000	undef
Brust	0.0093	0.0065	1.4270	0.7008
Eierstock	0.0091	0.0130	0.7012	1.4262
Endokrines_Gewebe	0.0055	0.0027	2.0093	0.4977
Gastrointestinal	0.0039	0.0190	0.2036	4.9124
Gehirn	0.0008	0.0033	0.2580	3.8754
Haematopoetisch	0.0112	0.0000	undef	0.0000
Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
Herz	0.0053	0.0137	0.3854	2.5949
Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
Lunge	0.0037	0.0024	1.5801	0.6329
Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef
Muskel-Skelett	0.0017	0.0060	0.2855	3.5025
Niere	0.0089	0.0137	0.6512	1.5355
Pankreas	0.0057	0.0000	undef	0.0000
Penis	0.0120	0.0000	undef	0.0000
Prostata	0.0095	0.0021	4.4745	0.2235
Uterus	0.0033	0.0000	undef	0.0000
Brust-Hyperplasie	0.0000			
Duenndarm	0.0093			
Prostata-Hyperplasie	0.0030			
Samenblase	0.0000			
Sinnesorgane	0.0118			
Weisse_Blutkoerperchen	0.0009			

	FOETUS %Haeufigkeit
Entwicklung	0.0000
Gastrointenstinal	0.0154
Gehirn	0.0000
Haematopoetisch	0.0039
Herz-Blutgefaesse	0.0082
Lunge	0.0074
Niere	0.0000
Prostata	0.0000
Sinnesorgane	0.0000

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN %Haeufigkeit
Brust	0.0000
Eierstock-Uterus	0.0297
Endokrines_Gewebe	0.0245
Foetal	0.0082
Gastrointestinal	0.0000
Haematopoetisch	0.0057
Haut-Muskel	0.0032
Hoden	0.0156
Lunge	0.0000
Nerven	0.0080
Prostata	0.0064
Sinnesorgane	0.0000

Elektronischer Northern-Blot für SEQ. ID No.: 36

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
Blase	0.0046	0.0077	0.6062	1.6497
Brust	0.0013	0.0153	0.0874	11.4458
Eierstock	0.0091	0.0026	3.5059	0.2852
Endokrines_Gewebe	0.0036	0.0054	0.6698	1.4930
Gastrointestinal	0.0174	0.0048	3.6642	0.2729
Gehirn	0.0034	0.0000	undef	0.0000
Haematopoetisch	0.0028	0.0000	undef	0.0000
Haut	0.0249	0.0000	undef	0.0000
Hepatisch	0.0248	0.0000	undef	0.0000
Herz	0.0032	0.0137	0.2312	4.3248
Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
Lunge	0.0261	0.0095	2.7652	0.3616
Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef
Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
Niere	0.0297	0.0000	undef	0.0000
Pankreas	0.0095	0.0000	undef	0.0000
Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
Prostata	0.0143	0.0064	2.2373	0.4470
Uterus	0.0050	0.0000	undef	0.0000
Brust-Hyperplasie	0.0145			
Duenndarm	0.0031			
Prostata-Hyperplasie	0.0149			
Samenblase	0.0089			
Sinnesorgane	0.0000			
Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			

	FOETUS
	%Haeufigkeit
Entwicklung	0.0000
Gastrointenstinal	0.0031
Gehirn	0.0000
Haematopoetisch	0.0039
Herz-Blutgefaesse	0.0041
Lunge	0.0074
Niere	0.0000
Prostata	0.0000
Sinnesorgane	0.0000

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
	%Haeufigkeit
Brust	0.0000
Eierstock-Uterus	0.0046
Endokrines_Gewebe	0.0000
Foetal	0.0029
Gastrointestinal	0.0244
Haematopoetisch	0.0000
Haut-Muskel	0.0032
Hoden	0.0000
Lunge	0.0246
Nerven	0.0010
Prostata	0.0064
Sinnesorgane	0.0000

Elektronischer Northern-Blot für SEQ. ID No.: 37

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
Blase	0.0093	0.0000	undef	0.0000
Brust	0.0013	0.0000	undef	0.000
Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
Endokrines_Gewebe	0.0018	0.0000	undef	0.0000
Gastrointestinal	0.0039	0.0000	undef	0.0000
Gehirn	0.0000	0.0000	undef	undef
Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
Herz	0.0011	0.0000	undef	0.0000
Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
Lunge	0.0012	0.0000	undef	0.0000
Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef
Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
Penis	0.0030	0.0000	undef	0.0000
Prostata	0.0095	0.0021	4.4745	0.2235
Uterus	0.0050	0.0356	0.1393	7.1813
Brust-Hyperplasie	0.0000			
Duenndarm	0.0093			
Prostata-Hyperplasie	0.0000			
Samenblase	0.0089			
Sinnesorgane	0.0000			
Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			

	FOETUS
	%Haeufigkeit
Entwicklung	0.0000
Gastrointenstinal	0.0000
Gehirn	0.0000
Haematopoetisch	0.0000
Herz-Blutgefaesse	0.0000
Lunge	0.0000
Niere	0.0062
Prostata	0.0000
Sinnesorgane	0.0000

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
	%Haeufigkeit
Brust	0.0000
Eierstock-Uterus	0.0000
Endokrines_Gewebe	0.0000
Foetal	0.0000
Gastrointestinal	0.0122
Haematopoetisch	0.0000
Haut-Muskel	0.0000
Hoden	0.0000
Lunge	0.0000
Nerven	0.0000
Prostata	0.0064
Sinnesorgane	0.0000

Elektronischer Northern-Blot für SEQ. ID No.: 39

	NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse N/T	T/N
Blase	0.0325	0.0332	0.9792	1.0213
Brust	0.0293	0.0196	1.4950	0.6689
Eierstock	0.0000	0.0104	0.0000	undef
Endokrines_Gewebe	0.0091	0.0000	undef	0.0000
Gastrointestinal	0.0252	0.0000	undef	0.0000
Gehirn	0.0085	0.0131	0.6451	1.5502
Haematopoetisch	0.0098	0.0000	undef	0.0000
Haut	0.0249	0.0000	undef	0.0000
Hepatisch	0.0000	0.0065	0.0000	undef
Herz	0.0636	0.1649	0.3854	2.5949
Hoden	0.0183	0.0000	undef	0.0000
Lunge	0.0212	0.0165	1.2792	0.7818
Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0153	0.0000	undef
Muskel-Skelett	0.0137	0.0060	2.2841	0.4378
Niere	0.0208	0.0137	1.5196	0.6581
Pankreas	0.0284	0.0166	1.7142	0.5834
Penis	0.0000	0.0533	0.0000	undef
Prostata	0.0048	0.0106	0.4475	2.2349
Uterus	0.0033	0.0000	undef	0.0000
Brust-Hyperplasie	0.0036			
Duenndarm	0.0218			
Prostata-Hyperplasie	0.0119			
Samenblase	0.0000			
Sinnesorgane	0.0588			
Weisse_Blutkoerperchen	0.1045			

	FOETUS %Haeufigkeit
Entwicklung	0.0154
Gastrointenstinal	0.0123
Gehirn	0.0000
Haematopoetisch	0.0118
Herz-Blutgefaesse	0.0041
Lunge	0.0148
Niere	0.0000
Prostata	0.0249
Sinnesorgane	0.0000

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN %Haeufigkeit
Brust	0.0000
Eierstock-Uterus	0.0114
Endokrines_Gewebe	0.1224
Foetal	0.0122
Gastrointestinal	0.0366
Haematopoetisch	0.0000
Haut-Muskel	0.0291
Hoden	0.0000
Lunge	0.0164
Nerven	0.0040
Prostata	0.0385
Sinnesorgane	0.0000

Elektronischer Northern-Blot für SEQ. ID No.: 41

	NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse N/T	T/N
Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
Brust	0.0000	0.0022	0.0000	undef
Eierstock	0.0061	0.0026	2.3372	0.4279
Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
Gehirn	0.0000	0.0000	undef	undef
Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
Haut	0.0050	0.0000	undef	0.0000
Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef
Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef
Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
Penis	0.0030	0.0000	undef	0.0000
Prostata	0.0048	0.0000	undef	0.0000
Uterus	0.0000	0.0000	undef	undef
Brust-Hyperplasie	0.0000			
Duenndarm	0.0000			
Prostata-Hyperplasie	0.0059			
Samenblase	0.0000			
Sinnesorgane	0.0000			
Weisse_Blutkoerperchen	0.0009			

	FOETUS %Haeufigkeit
Entwicklung	0.0000
Gastrointenstinal	0.0000
Gehirn	0.0000
Haematopoetisch	0.0000
Herz-Blutgefaesse	0.0000
Lunge	0.0037
Niere	0.0000
Prostata	0.0000
Sinnesorgane	0.0000

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN %Haeufigkeit
Brust	0.0000
Eierstock-Uterus	0.0023
Endokrines_Gewebe	0.0000
Foetal	0.0017
Gastrointestinal	0.0000
Haematopoetisch	0.0000
Haut-Muskel	0.0000
Hoden	0.0078
Lunge	0.0082
Nerven	0.0010
Prostata	0.0192
Sinnesorgane	0.0000

Elektronischer Northern-Blot für SEQ. ID No.: 42

	NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse N/T	T/N
Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
Brust	0.0160	0.0044	3.6695	0.2725
Eierstock	0.0030	0.0026	1.1686	0.8557
Endokrines_Gewebe	0.0109	0.0082	1.3396	0.7465
Gastrointestinal	0.0078	0.0000	undef	0.0000
Gehirn	0.0042	0.0055	0.7741	1.2918
Haematopoetisch	0.0070	0.0000	undef	0.0000
Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
Herz	0.0042	0.0000	undef	0.0000
Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
Lunge	0.0037	0.0024	1.5801	0.6329
Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef
Muskel-Skelett	0.0000	0.0060	0.0000	undef
Niere	0.0059	0.0000	undef	0.0000
Pankreas	0.0057	0.0000	undef	0.0000
Penis	0.0090	0.0000	undef	0.0000
Prostata	0.0167	0.0000	undef	0.0000
Uterus	0.0066	0.0000	undef	0.0000
Brust-Hyperplasie	0.0109			
Duenndarm	0.0031			
Prostata-Hyperplasie	0.0000			
Samenblase	0.0000			
Sinnesorgane	0.0000			
Weisse_Blutkoerperchen	0.0017			

	FOETUS %Haeufigkeit
Entwicklung	0.0000
Gastrointenstinal	0.0062
Gehirn	0.0000
Haematopoetisch	0.0039
Herz-Blutgefaesse	0.0041
Lunge	0.0000
Niere	0.0000
Prostata	0.0000
Sinnesorgane	0.0000

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN %Haeufigkeit
Brust	0.0136
Eierstock-Uterus	0.0023
Endokrines_Gewebe	0.0000
Foetal	0.0070
Gastrointestinal	0.0000
Haematopoetisch	0.0000
Haut-Muskel	0.0032
Hoden	0.0000
Lunge	0.0000
Nerven	0.0020
Prostata	0.0256
Sinnesorgane	0.0000

Elektronischer Northern-Blot für SEQ. ID No.: 44

	NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse N/T	T/N
Blase	0.0372	0.0230	1.6164	0.6186
Brust	0.0067	0.0000	undef	0.0000
Eierstock	0.0122	0.0130	0.9349	1.0696
Endokrines_Gewebe	0.0128	0.0300	0.4262	2.3462
Gastrointestinal	0.0271	0.0333	0.8143	1.2281
Gehirn	0.0059	0.0471	0.1260	7.9354
Haematopoetisch	0.0056	0.0000	undef	0.0000
Haut	0.0099	0.0000	undef	0.0000
Hepatisch	0.0050	0.0259	0.1913	5.2277
Herz	0.0201	0.0137	1.4644	0.6829
Hoden	0.0000	0.0117	0.0000	undef
Lunge	0.0274	0.0189	1.4485	0.6904
Magen-Speiseroehre	0.0290	0.0000	undef	0.0000
Muskel-Skelett	0.0103	0.0000	undef	0.0000
Niere	0.0089	0.0137	0.6512	1.5355
Pankreas	0.0076	0.0166	0.4571	2.1876
Penis	0.0150	0.0000	undef	0.0000
Prostata	0.0333	0.0106	3.1322	0.3193
Uterus	0.0215	0.0000	undef	0.0000
Brust-Hyperplasie	0.0036			
Duenndarm	0.0280			
Prostata-Hyperplasie	0.0357			
Samenblase	0.0890			
Sinnesorgane	0.0235			
Weisse_Blutkoerperchen	0.0052			

	FOETUS %Haeufigkeit
Entwicklung	0.0000
Gastrointenstinal	0.0031
Gehirn	0.0000
Haematopoetisch	0.0039
Herz-Blutgefaesse	0.0041
Lunge	0.0222
Niere	0.0309
Prostata	0.0249
Sinnesorgane	0.0000

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN %Haeufigkeit
Brust	0.0000
Eierstock-Uterus	0.0183
Endokrines_Gewebe	0.0000
Foetal	0.0227
Gastrointestinal	0.0000
Haematopoetisch	0.0000
Haut-Muskel	0.0162
Hoden	0.0000
Lunge	0.0082
Nerven	0.0050
Prostata	0.0256
Sinnesorgane	0.0000

Elektronischer Northern-Blot für SEQ. ID No.: 46

	NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse N/T	T/N
Blase	0.0000	0.0026	0.0000	undef
Brust	0.0040	0.0131	0.3058	3.2702
Eierstock	0.0122	0.0234	0.5194	1.9254
Endokrines_Gewebe	0.0036	0.0109	0.3349	2.9861
Gastrointestinal	0.0116	0.0095	1.2214	0.8187
Gehirn	0.0051	0.0164	0.3096	3.2295
Haematopoetisch	0.0028	0.0000	undef	0.0000
Haut	0.0050	0.0000	undef	0.0000
Hepatisch	0.0050	0.0000	undef	0.0000
Herz	0.0085	0.0137	0.6166	1.6218
Hoden	0.0061	0.0117	0.5224	1.9144
Lunge	0.0075	0.0095	0.7901	1.2657
Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef
Muskel-Skelett	0.0051	0.0000	undef	0.0000
Niere	0.0030	0.0068	0.4342	2.3033
Pankreas	0.0076	0.0055	1.3713	0.7292
Penis	0.0030	0.0000	undef	0.0000
Prostata	0.0119	0.0043	2.7966	0.3576
Uterus	0.0083	0.0071	1.1604	0.8618
Brust-Hyperplasie	0.0036			
Duenndarm	0.0093			
Prostata-Hyperplasie	0.0030			
Samenblase	0.0000			
Sinnesorgane	0.0118			
Weisse_Blutkoerperchen	0.0026			

	FOETUS %Haeufigkeit
Entwicklung	0.0000
Gastrointenstinal	0.0154
Gehirn	0.0125
Haematopoetisch	0.0157
Herz-Blutgefaesse	0.0041
Lunge	0.0037
Niere	0.0062
Prostata	0.0000
Sinnesorgane	0.0140

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN %Haeufigkeit
Brust	0.0000
Eierstock-Uterus	0.0046
Endokrines_Gewebe	0.0245
Foetal	0.0117
Gastrointestinal	0.0122
Haematopoetisch	0.0000
Haut-Muskel	0.0130
Hoden	0.0000
Lunge	0.0164
Nerven	0.0110
Prostata	0.0192
Sinnesorgane	0.0000

Elektronischer Northern-Blot für SEQ. ID No.: 47

	NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse N/T	T/N
Blase	0.0093	0.0077	1.2123	0.8249
Brust	0.0093	0.0283	0.3293	3.0366
Eierstock	0.0182	0.0052	3.5059	0.2852
Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
Gastrointestinal	0.0504	0.0000	undef	0.0000
Gehirn	0.0000	0.0033	0.0000	undef
Haematopoetisch	0.0042	0.0000	undef	0.0000
Haut	0.0050	0.0000	undef	0.0000
Hepatisch	0.0495	0.0065	7.6515	0.1307
Herz	0.0074	0.0137	0.5395	1.8535
Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef
Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef
Muskel-Skelett	0.0120	0.0060	1.9985	0.5004
Niere	0.0238	0.0000	undef	0.0000
Pankreas	0.0511	0.0276	1.8513	0.5402
Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
Prostata	0.0333	0.0149	2.2373	0.4470
Uterus	0.0017	0.0000	undef	0.0000
Brust-Hyperplasie	0.0109			
Duenndarm	0.1028			
Prostata-Hyperplasie	0.0059			
Samenblase	0.0000			
Sinnesorgane	0.0000			
Weisse_Blutkoerperchen	0.0183			

	FOETUS %Haeufigkeit
Entwicklung	0.0000
Gastrointenstinal	0.0462
Gehirn	0.0000
Haematopoetisch	0.0197
Herz-Blutgefaesse	0.0000
Lunge	0.0000
Niere	0.0062
Prostata	0.0249
Sinnesorgane	0.0000

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN %Haeufigkeit
Brust	0.0000
Eierstock-Uterus	0.0160
Endokrines_Gewebe	0.0000
Foetal	0.0122
Gastrointestinal	0.0122
Haematopoetisch	0.0000
Haut-Muskel	0.0324
Hoden	0.0000
Lunge	0.0000
Nerven	0.0000
Prostata	0.0256
Sinnesorgane	0.0000

Elektronischer Northern-Blot für SEQ. ID No.: 51

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
Blase	0.0465	0.0741	0.6271	1.5947
Brust	0.0386	0.0501	0.7711	1.2968
Eierstock	0.0334	0.0546	0.6121	1.6336
Endokrines_Gewebe	0.0310	0.0300	1.0351	0.9661
Gastrointestinal	0.0252	0.0190	1.3232	0.7558
Gehirn	0.0458	0.0701	0.6532	1.5310
Haematopoetisch	0.0112	0.1135	0.0986	10.1456
Haut	0.0448	0.0000	undef	0.0000
Hepatisch	0.0347	0.0000	undef	0.0000
Herz	0.1123	0.1375	0.8170	1.2240
Hoden	0.0366	0.0468	0.7835	1.2763
Lunge	0.0535	0.0449	1.1920	0.8389
Magen-Speiseroehre	0.0193	0.0153	1.2599	0.7937
Muskel-Skelett	0.0685	0.1860	0.3684	2.7145
Niere	0.0119	0.0890	0.1336	7.4857
Pankreas	0.0151	0.0828	0.1828	5.4691
Penis	0.1018	0.0533	1.9092	0.5238
Prostata	0.0167	0.0064	2.6101	0.3831
Uterus	0.0545	0.2634	0.2070	4.8311
Brust-Hyperplasie	0.0981			
Duenndarm	0.0312			
Prostata-Hyperplasie	0.0386			
Samenblase	0.0178			
Sinnesorgane	0.0235			
Weisse_Blutkoerperchen	0.0009			

	FOETUS
	%Haeufigkeit
Entwicklung	0.1383
Gastrointenstinal	0.0924
Gehirn	0.0063
Haematopoetisch	0.0393
Herz-Blutgefaesse	0.0654
Lunge	0.0592
Niere	0.0309
Prostata	0.2992
Sinnesorgane	0.0279

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
	%Haeufigkeit
Brust	0.0204
Eierstock-Uterus	0.0068
Endokrines_Gewebe	0.0000
Foetal	0.0099
Gastrointestinal	0.0000
Haematopoetisch	0.0000
Haut-Muskel	0.0000
Hoden	0.0000
Lunge	0.0000
Nerven	0.0171
Prostata	0.0000
Sinnesorgane	0.0387

Elektronischer Northern-Blot für SEQ. ID No.: 52

	NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse N/T	T/N
Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
Brust	0.0013	0.0022	0.6116	1.6351
Eierstock	0.0030	0.0000	undef	0.0000
Endokrines_Gewebe	0.0036	0.0000	undef	0.0000
Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
Gehirn	0.0008	0.0099	0.0860	11.6263
Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
Herz	0.0032	0.0000	undef	0.0000
Hoden	0.0061	0.0000	undef	0.0000
Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef
Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef
Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
Niere	0.0059	0.0000	undef	0.0000
Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
Prostata	0.0119	0.0021	5.5932	0.1788
Uterus	0.0083	0.0000	undef	0.0000
Brust-Hyperplasie	0.0036			
Duenndarm	0.0000			
Prostata-Hyperplasie	0.0030			
Samenblase	0.0000			
Sinnesorgane	0.0000			
Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			

	FOETUS %Haeufigkeit
Entwicklung	0.0000
Gastrointenstinal	0.0031
Gehirn	0.0000
Haematopoetisch	0.0000
Herz-Blutgefaesse	0.0000
Lunge	0.0037
Niere	0.0000
Prostata	0.0000
Sinnesorgane	0.0000

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN %Haeufigkeit
Brust	0.0136
Eierstock-Uterus	0.0114
Endokrines_Gewebe	0.0000
Foetal	0.0017
Gastrointestinal	0.0122
Haematopoetisch	0.0000
Haut-Muskel	0.0000
Hoden	0.0000
Lunge	0.0000
Nerven	0.0040
Prostata	0.0000
Sinnesorgane	0.0000

Elektronischer Northern-Blot für SEQ. ID No.: 53

	NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse N/T	T/N
Blase	0.0000	0.0051	0.0000	undef
Brust	0.0000	0.0044	0.0000	undef
Eierstock	0.0030	0.0000	undef	0.0000
Endokrines_Gewebe	0.0055	0.0027	2.0093	0.4977
Gastrointestinal	0.0058	0.0048	1.2214	0.8187
Gehirn	0.0000	0.0000	undef	undef
Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
Herz	0.0032	0.0000	undef	0.0000
Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
Lunge	0.0000	0.0024	0.0000	undef
Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0153	0.0000	undef
Muskel-Skelett	0.0034	0.0000	undef	0.0000
Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
Prostata	0.0071	0.0021	3.3559	0.2980
Uterus	0.0033	0.0000	undef	0.0000
Brust-Hyperplasie	0.0036			
Duenndarm	0.0000			
Prostata-Hyperplasie	0.0030			
Samenblase	0.0000			
Sinnesorgane	0.0000			
Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			

	FOETUS %Haeufigkeit
Entwicklung	0.0000
Gastrointenstinal	0.0000
Gehirn	0.0000
Haematopoetisch	0.0000
Herz-Blutgefaesse	0.0000
Lunge	0.0037
Niere	0.0062
Prostata	0.0000
Sinnesorgane	0.0140

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN %Haeufigkeit
Brust	0.0000
Eierstock-Uterus	0.0046
Endokrines_Gewebe	0.0000
Foetal	0.0000
Gastrointestinal	0.0000
Haematopoetisch	0.0000
Haut-Muskel	0.0032
Hoden	0.0000
Lunge	0.0000
Nerven	0.0030
Prostata	0.0128
Sinnesorgane	0.0000

Elektronischer Northern-Blot für SEQ. ID No.: 54

	NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse N/T	T/N
Blase	0.0093	0.0077	1.2123	0.8249
Brust	0.0200	0.0044	4.5868	0.2180
Eierstock	0.0152	0.0104	1.4608	0.6846
Endokrines_Gewebe	0.0091	0.0054	1.6745	0.5972
Gastrointestinal	0.0039	0.0048	0.8143	1.2281
Gehirn	0.0110	0.0033	3.3545	0.2981
Haematopoetisch	0.0056	0.0000	undef	0.0000
Haut	0.0149	0.0000	undef	0.0000
Hepatisch	0.0198	0.0000	undef	0.0000
Herz	0.0064	0.0000	undef	0.0000
Hoden	0.0122	0.0000	undef	0.0000
Lunge	0.0062	0.0071	0.8779	1.1391
Magen-Speiseroehre	0.0097	0.0000	undef	0.0000
Muskel-Skelett	0.0051	0.0240	0.2141	4.6701
Niere	0.0178	0.0000	undef	0.0000
Pankreas	0.0019	0.0110	0.1714	5.8337
Penis	0.0060	0.0000	undef	0.0000
Prostata	0.0119	0.0043	2.7966	0.3576
Uterus	0.0050	0.0214	0.2321	4.3088
Brust-Hyperplasie	0.0000			
Duenndarm	0.0062			
Prostata-Hyperplasie	0.0208			
Samenblase	0.0000			
Sinnesorgane	0.0000			
Weisse_Blutkoerperchen	0.0540			

	FOETUS %Haeufigkeit
Entwicklung	0.0000
Gastrointenstinal	0.0123
Gehirn	0.0250
Haematopoetisch	0.0275
Herz-Blutgefaesse	0.0082
Lunge	0.0037
Niere	0.0185
Prostata	0.0000
Sinnesorgane	0.0558

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN %Haeufigkeit
Brust	0.0136
Eierstock-Uterus	0.0046
Endokrines_Gewebe	0.0000
Foetal	0.0023
Gastrointestinal	0.0000
Haematopoetisch	0.0000
Haut-Muskel	0.0130
Hoden	0.0000
Lunge	0.0082
Nerven	0.0040
Prostata	0.0064
Sinnesorgane	0.0310

Elektronischer Northern-Blot für SEQ. ID No.: 55

	NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse N/T	T/N
Blase	0.0093	0.0153	0.6062	1.6497
Brust	0.0053	0.0065	0.8154	1.2263
Eierstock	0.0000	0.0052	0.0000	undef
Endokrines_Gewebe	0.0055	0.0054	1.0047	0.9954
Gastrointestinal	0.0039	0.0048	0.8143	1.2281
Gehirn	0.0042	0.0033	1.2902	0.7751
Haematopoetisch	0.0028	0.0000	undef	0.0000
Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
Hepatisch	0.0050	0.0129	0.3826	2.6139
Herz	0.0074	0.0000	undef	0.0000
Hoden	0.0061	0.0234	0.2612	3.8288
Lunge	0.0100	0.0095	1.0534	0.9493
Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef
Muskel-Skelett	0.0034	0.0000	undef	0.0000
Niere	0.0089	0.0137	0.6512	1.5355
Pankreas	0.0057	0.0000	undef	0.0000
Penis	0.0030	0.0000	undef	0.0000
Prostata	0.0048	0.0021	2.2373	0.4470
Uterus	0.0066	0.0071	0.9283	1.0772
Brust-Hyperplasie	0.0036			
Duenndarm	0.0000			
Prostata-Hyperplasie	0.0059			
Samenblase	0.0089			
Sinnesorgane	0.0118			
Weisse_Blutkoerperchen	0.0026			

	FOETUS %Haeufigkeit
Entwicklung	0.0000
Gastrointenstinal	0.0031
Gehirn	0.0000
Haematopoetisch	0.0000
Herz-Blutgefaesse	0.0000
Lunge	0.0000
Niere	0.0062
Prostata	0.0249
Sinnesorgane	0.0000

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN %Haeufigkeit
Brust	0.0000
Eierstock-Uterus	0.0046
Endokrines_Gewebe	0.0000
Foetal	0.0017
Gastrointestinal	0.0000
Haematopoetisch	0.0000
Haut-Muskel	0.0000
Hoden	0.0000
Lunge	0.0082
Nerven	0.0010
Prostata	0.0128
Sinnesorgane	0.0000

Elektronischer Northern-Blot für SEQ. ID No.: 58

	NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse N/T	T/N
Blase	0.0093	0.0026	3.6370	0.2750
Brust	0.0080	0.0022	3.6695	0.2725
Eierstock	0.0061	0.0078	0.7791	1.2836
Endokrines_Gewebe	0.0018	0.0109	0.1674	5.9721
Gastrointestinal	0.0078	0.0143	0.5428	1.8422
Gehirn	0.0034	0.0033	1.0321	0.9689
Haematopoetisch	0.0084	0.0000	undef	0.0000
Haut	0.0895	0.0000	undef	0.0000
Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
Herz	0.0032	0.0137	0.2312	4.3248
Hoden	0.0183	0.0000	undef	0.0000
Lunge	0.0037	0.0142	0.2634	3.7971
Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef
Muskel-Skelett	0.0051	0.0000	undef	0.0000
Niere	0.0000	0.0068	0.0000	undef
Pankreas	0.0038	0.0000	undef	0.0000
Penis	0.0090	0.0000	undef	0.0000
Prostata	0.0071	0.0021	3.3559	0.2980
Uterus	0.0000	0.0000	undef	undef
Brust-Hyperplasie	0.0182			
Duenndarm	0.0031			
Prostata-Hyperplasie	0.0030			
Samenblase	0.0000			
Sinnesorgane	0.0000			
Weisse_Blutkoerperchen	0.0026			

	FOETUS %Haeufigkeit
Entwicklung	0.0000
Gastrointenstinal	0.0031
Gehirn	0.0000
Haematopoetisch	0.0157
Herz-Blutgefaesse	0.0082
Lunge	0.0148
Niere	0.0124
Prostata	0.0000
Sinnesorgane	0.0000

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN %Haeufigkeit
Brust	0.0000
Eierstock-Uterus	0.0160
Endokrines_Gewebe	0.0245
Foetal	0.0082
Gastrointestinal	0.0122
Haematopoetisch	0.0057
Haut-Muskel	0.0032
Hoden	0.0156
Lunge	0.0082
Nerven	0.0080
Prostata	0.0128
Sinnesorgane	0.0000

Elektronischer Northern-Blot für SEQ. ID No.: 60

	NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse N/T	T/N
Blase	0.0046	0.0000	undef	0.0000
Brust	0.0040	0.0022	1.8347	0.5450
Eierstock	0.0000	0.0026	0.0000	undef
Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0054	0.0000	undef
Gastrointestinal	0.0019	0.0000	undef	0.0000
Gehirn	0.0068	0.0033	2.0643	0.4844
Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
Hepatisch	0.0050	0.0000	undef	0.0000
Herz	0.0011	0.0000	undef	0.0000
Hoden	0.0061	0.0000	undef	0.0000
Lunge	0.0050	0.0000	undef	0.0000
Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef
Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
Penis	0.0060	0.0000	undef	0.0000
Prostata	0.0071	0.0000	undef	0.0000
Uterus	0.0017	0.0000	undef	0.0000
Brust-Hyperplasie	0.0073			
Duenndarm	0.0000			
Prostata-Hyperplasie	0.0059			
Samenblase	0.0000			
Sinnesorgane	0.0235			
Weisse_Blutkoerperchen	0.0026			

	FOETUS %Haeufigkeit
Entwicklung	0.0000
Gastrointenstinal	0.0000
Gehirn	0.0000
Haematopoetisch	0.0039
Herz-Blutgefaesse	0.0000
Lunge	0.0037
Niere	0.0000
Prostata	0.0000
Sinnesorgane	0.0000

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN %Haeufigkeit
Brust	0.0000
Eierstock-Uterus	0.0046
Endokrines_Gewebe	0.0000
Foetal	0.0000
Gastrointestinal	0.0122
Haematopoetisch	0.0000
Haut-Muskel	0.0032
Hoden	0.0000
Lunge	0.0000
Nerven	0.0010
Prostata	0.0000
Sinnesorgane	0.0000

Elektronischer Northern-Blot für SEQ. ID No.: 61

	NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse N/T	T/N
Blase	0.0000	0.0128	0.0000	undef
Brust	0.0000	0.0022	0.0000	undef
Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
Endokrines_Gewebe	0.0018	0.0109	0.1674	5.9721
Gastrointestinal	0.0078	0.0000	undef	0.0000
Gehirn	0.0034	0.0033	1.0321	0.9689
Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
Hepatisch	0.0050	0.0000	undef	0.0000
Herz	0.0032	0.0000	undef	0.0000
Hoden	0.0183	0.0000	undef	0.0000
Lunge	0.0025	0.0071	0.3511	2.8478
Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef
Muskel-Skelett	0.0051	0.0000	undef	0.0000
Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
Pankreas	0.0019	0.0110	0.1714	5.8337
Penis	0.0120	0.0000	undef	0.0000
Prostata	0.0071	0.0021	3.3559	0.2980
Uterus	0.0033	0.0000	undef	0.0000
Brust-Hyperplasie	0.0000			
Duenndarm	0.0093			
Prostata-Hyperplasie	0.0030			
Samenblase	0.0000			
Sinnesorgane	0.0000			
Weisse_Blutkoerperchen	0.0009			

	FOETUS %Haeufigkeit
Entwicklung	0.0000
Gastrointenstinal	0.0000
Gehirn	0.0188
Haematopoetisch	0.0000
Herz-Blutgefaesse	0.0041
Lunge	0.0037
Niere	0.0000
Prostata	0.0000
Sinnesorgane	0.0000

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN %Haeufigkeit
Brust	0.0136
Eierstock-Uterus	0.0046
Endokrines_Gewebe	0.0000
Foetal	0.0000
Gastrointestinal	0.0000
Haematopoetisch	0.0000
Haut-Muskel	0.0000
Hoden	0.0000
Lunge	0.0164
Nerven	0.0050
Prostata	0.0192
Sinnesorgane	0.0000

Elektronischer Northern-Blot für SEQ. ID No.: 62

	NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse N/T	T/N
Blase	0.0046	0.0026	1.8185	0.5499
Brust	0.0133	0.0022	6.1158	0.1635
Eierstock	0.0061	0.0052	1.1686	0.8557
Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0245	0.0000	undef
Gastrointestinal	0.0078	0.0190	0.4071	2.4562
Gehirn	0.0119	0.0022	5.4187	0.1845
Haematopoetisch	0.0070	0.0757	0.0924	10.8219
Haut	0.0050	0.0000	undef	0.0000
Hepatisch	0.0099	0.0000	undef	0.0000
Herz	0.0074	0.0275	0.2698	3.7070
Hoden	0.0000	0.0234	0.0000	undef
Lunge	0.0050	0.0118	0.4214	2.3732
Magen-Speiseroehre	0.0097	0.0153	0.6300	1.5874
Muskel-Skelett	0.0034	0.0000	undef	0.0000
Niere	0.0119	0.0205	0.5789	1.7275
Pankreas	0.0038	0.0000	undef	0.0000
Penis	0.0060	0.0000	undef	0.0000
Prostata	0.0191	0.0043	4.4745	0.2235
Uterus	0.0066	0.0000	undef	0.0000
Brust-Hyperplasie	0.0000			
Duenndarm	0.0031			
Prostata-Hyperplasie	0.0059			
Samenblase	0.0000			
Sinnesorgane	0.0000			
Weisse_Blutkoerperchen	0.0070			

	FOETUS %Haeufigkeit
Entwicklung	0.0000
Gastrointenstinal	0.0031
Gehirn	0.0000
Haematopoetisch	0.0000
Herz-Blutgefaesse	0.0082
Lunge	0.0037
Niere	0.0309
Prostata	0.0000
Sinnesorgane	0.0140

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN %Haeufigkeit
Brust	0.0068
Eierstock-Uterus	0.0183
Endokrines_Gewebe	0.0000
Foetal	0.0140
Gastrointestinal	0.0244
Haematopoetisch	0.0000
Haut-Muskel	0.0194
Hoden	0.0000
Lunge	0.0000
Nerven	0.0161
Prostata	0.0128
Sinnesorgane	0.0155

Elektronischer Northern-Blot für SEQ. ID No.: 63

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
Blase	0.0186	0.0844	0.2204	4.5368
Brust	0.0560	0.0370	1.5110	0.6618
Eierstock	0.0395	0.0260	1.5192	0.6582
Endokrines_Gewebe	0.0128	0.0245	0.5209	1.9196
Gastrointestinal	0.0775	0.0857	0.9047	1.1053
Gehirn	0.0254	0.0350	0.7257	1.3779
Haematopoetisch	0.0364	0.0378	0.9610	1.0406
Haut	0.2188	0.0000	undef	0.0000
Hepatisch	0.0198	0.0582	0.3401	2.9406
Herz	0.1112	0.1787	0.6225	1.6064
Hoden	0.0183	0.0117	1.5671	0.6381
Lunge	0.1133	0.0804	1.4097	0.7094
Magen-Speiseroehre	0.0676	0.0307	2.2049	0.4535
Muskel-Skelett	0.1696	0.0300	5.6530	0.1769
Niere	0.0684	0.0753	0.9078	1.1016
Pankreas	0.0151	0.0607	0.2493	4.0107
Penis	0.0749	0.1066	0.7019	1.4246
Prostata	0.0715	0.0106	6.7118	0.1490
Uterus	0.0611	0.0214	2.8624	0.3494
Brust-Hyperplasie	0.0254			
Duenndarm	0.0997			
Prostata-Hyperplasie	0.0386			
Samenblase	0.0445			
Sinnesorgane	0.0941			
Weisse_Blutkoerperchen	0.0670			

	FOETUS
	%Haeufigkeit
Entwicklung	0.0615
Gastrointenstinal	0.0154
Gehirn	0.0000
Haematopoetisch	0.0079
Herz-Blutgefaesse	0.0041
Lunge	0.0074
Niere	0.0185
Prostata	0.0499
Sinnesorgane	0.0000

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
	%Haeufigkeit
Brust	0.0408
Eierstock-Uterus	0.0114
Endokrines_Gewebe	0.0000
Foetal	0.0338
Gastrointestinal	0.1098
Haematopoetisch	0.0114
Haut-Muskel	0.0421
Hoden	0.0312
Lunge	0.2786
Nerven	0.0080
Prostata	0.0192
Sinnesorgane	0.0000

Elektronischer Northern-Blot für SEQ. ID No.: 64

	NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse N/T	T/N
Blase	0.0093	0.0153	0.6062	1.6497
Brust	0.0160	0.0174	0.9174	1.0901
Eierstock	0.0091	0.0182	0.5008	1.9967
Endokrines_Gewebe	0.0201	0.0109	1.8419	0.5429
Gastrointestinal	0.0194	0.0333	0.5816	1.7193
Gehirn	0.0076	0.0219	0.3483	2.8707
Haematopoetisch	0.0182	0.0378	0.4805	2.0811
Haut	0.0050	0.0000	undef	0.0000
Hepatisch	0.0099	0.0323	0.3061	3.2673
Herz	0.0148	0.0275	0.5395	1.8535
Hoden	0.0122	0.0000	undef	0.0000
Lunge	0.0174	0.0118	1.4748	0.6781
Magen-Speiseroehre	0.0290	0.0307	0.9449	1.0583
Muskel-Skelett	0.0154	0.0120	1.2848	0.7783
Niere	0.0416	0.0068	6.0782	0.1645
Pankreas	0.0170	0.0110	1.5428	0.6482
Penis	0.0120	0.0267	0.4492	2.2260
Prostata	0.0191	0.0085	2.2373	0.4470
Uterus	0.0149	0.0142	1.0444	0.9575
Brust-Hyperplasie	0.0182			
Duenndarm	0.0187			
Prostata-Hyperplasie	0.0059			
Samenblase	0.0178			
Sinnesorgane	0.0353			
Weisse_Blutkoerperchen	0.0183			

	FOETUS %Haeufigkeit
Entwicklung	0.0307
Gastrointenstinal	0.0062
Gehirn	0.0000
Haematopoetisch	0.0393
Herz-Blutgefaesse	0.0000
Lunge	0.0074
Niere	0.0124
Prostata	0.0249
Sinnesorgane	0.0000

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN %Haeufigkeit
Brust	0.0476
Eierstock-Uterus	0.0571
Endokrines_Gewebe	0.0245
Foetal	0.0175
Gastrointestinal	0.0244
Haematopoetisch	0.0114
Haut-Muskel	0.0291
Hoden	0.0000
Lunge	0.0082
Nerven	0.0020
Prostata	0.0000
Sinnesorgane	0.0310

Elektronischer Northern fuer Seq-ID: 217

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
B_Lymphom	0.0100	0.0136	0.7358	1.3590
Blase	0.0039	0.0094	0.4149	2.4102
Brust	0.0053	0.0028	1.8786	0.5323
Dickdarm	0.0153	0.0028	5.3823	0.1858
Duenndarm	0.0027	0.0000	undef	0.0000
Eierstock	0.0030	0.0000	undef	0.0000
Endokrines_Gewebe	0.0032	0.0114	0.2826	3.5381
Gehirn	0.0072	0.0060	1.2090	0.8271
Haut	0.0037	0.0000	undef	0.0000
Hepatisch	0.0046	0.0127	0.3662	2.7307
Herz	0.0071	0.0137	0.5169	1.9348
Hoden	0.0080	0.0059	1.3570	0.7369
Lunge	0.0107	0.0037	2.8941	0.3455
Magen-Speiser.	0.0000	0.0064	0.0000	undef
Muskel-Skelett	0.0086	0.0000	undef	0.0000
Niere	0.0045	0.0048	0.9284	1.0771
Pankreas	0.0116	0.0055	2.0940	0.4776
Prostata	0.0038	0.0013	2.8940	0.3455
T_Lymphom	0.0025	0.0075	0.3381	2.9576
Uterus	0.0031	0.0092	0.3368	2.9694
Weisse_Blutkoerper.	0.0089	0.0000	undef	0.0000
Haematopoetisch	0.0067			
Penis	0.0054			
Samenblase	0.0000			
Sinnesorgane	0.0000			

	FOETUS
	%Haeufigkeit
Entwicklung	0.0000
Gastrointenstinal	0.0028
Gehirn	0.0125
Haematopoetisch	0.0079
Haut	0.0000
Hepatisch	0.0000
Herz-Blutgefaesse	0.0071
Lunge	0.0036
Nebenniere	0.0000
Niere	0.0124
Placenta	0.0121
Prostata	0.0000
Sinnesorgane	0.0000

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
	%Haeufigkeit
Brust	0.0204
Brust_t	0.0000
Dickdarm_t	0.0000
Eierstock_n	0.0000
Eierstock_t	0.0152
Endokrines_Gewebe	0.0000
Foetal	0.0046
Gastrointestinal	0.0000
Haematopoetisch	0.0000
Haut-Muskel	0.0130
Hoden_n	0.0167
Hoden_t	0.0000
Lunge_n	0.0000
Lunge_t	0.0000
Nerven	0.0070
Niere_t	0.0000
Ovar_Uterus	0.0203
Prostata_n	0.0121
Sinnesorgane	0.0000
Weisse_Blutkoerperchen	0.0000

Elektronischer Northern fuer Seq-ID: 218

	NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse N/T	T/N
B_Lymphom	0.0075	0.0000	undef	0.0000
Blase	0.0078	0.0117	0.6638	1.5064
Brust	0.0114	0.0169	0.6784	1.4741
Dickdarm	0.0115	0.0085	1.3456	0.7432
Duenndarm	0.0110	0.0107	1.0306	0.9703
Eierstock	0.0059	0.0072	0.8295	1.2055
Endokrines_Gewebe	0.0144	0.0038	3.8156	0.2621
Gehirn	0.0193	0.0110	1.7586	0.5686
Haut	0.0220	0.0000	undef	0.0000
Hepatisch	0.0000	0.0190	0.0000	undef
Herz	0.0173	0.0137	1.2552	0.7967
Hoden	0.0080	0.0059	1.3570	0.7369
Lunge	0.0165	0.0111	1.4909	0.6707
Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0128	0.0000	undef
Muskel-Skelett	0.0051	0.0037	1.3917	0.7186
Niere	0.0179	0.0048	3.7136	0.2693
Pankreas	0.0033	0.0442	0.0748	13.3714
Prostata	0.0085	0.0039	2.1705	0.4607
T_Lymphom	0.0101	0.0075	1.3525	0.7394
Uterus	0.0093	0.0138	0.6735	1.4847
Weisse_Blutkoerperchen	0.0096	0.0304	0.3156	3.1685
Haematopoetisch	0.0094			
Penis	0.0134			
Samenblase	0.0352			
Sinnesorgane	0.0000			

	FOETUS %Haeufigkeit
Entwicklung	0.0000
Gastrointenstinal	0.0028
Gehirn	0.0188
Haematopoetisch	0.0079
Haut	0.0000
Hepatisch	0.0000
Herz-Blutgefaesse	0.0000
Lunge	0.0145
Nebenniere	0.0000
Niere	0.0185
Placenta	0.0182
Prostata	0.0000
Sinnesorgane	0.0000

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN %Haeufigkeit
Brust	0.0068
Brust_t	0.0000
Dickdarm_t	0.0000
Eierstock_n	0.0000
Eierstock_t	0.0101
Endokrines_Gewebe	0.0000
Foetal	0.0029
Gastrointestinal	0.0244
Haematopoetisch	0.0513
Haut-Muskel	0.0194
Hoden_n	0.0000
Hoden_t	0.0000
Lunge_n	0.0586
Lunge_t	0.0000
Nerven	0.0161
Niere_t	0.0000
Ovar_Uterus	0.0068
Prostata_n	0.0182
Sinnesorgane	0.0077
Weisse_Blutkoerperchen	0.0000

Elektronischer Northern fuer Seq-ID: 219

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
B_Lymphom	0.0075	0.0000	undef	0.0000
Blase	0.0156	0.0047	3.3190	0.3013
Brust	0.0185	0.0211	0.8767	1.1406
Dickdarm	0.0307	0.0199	1.5378	0.6503
Duenndarm	0.0082	0.0213	0.3865	2.5875
Eierstock	0.0059	0.0334	0.1778	5.6255
Endokrines_Gewebe	0.0305	0.0266	1.1468	0.8720
Gehirn	0.0393	0.0189	2.0767	0.4815
Haut	0.0257	0.0000	undef	0.0000
Hepatisch	0.0000	0.0127	0.0000	undef
Herz	0.0447	0.0000	undef	0.0000
Hoden	0.0161	0.0118	1.3571	0.7369
Lunge	0.0282	0.0240	1.1739	0.8519
Magen-Speiseroehre	0.0072	0.0000	undef	0.0000
Muskel-Skelett	0.0154	0.0074	2.0875	0.4790
Niere	0.0269	0.0193	1.3927	0.7180
Pankreas	0.0066	0.0000	undef	0.0000
Prostata	0.0179	0.0065	2.7494	0.3637
T_Lymphom	0.0177	0.0672	0.2630	3.8026
Uterus	0.0118	0.0046	2.5703	0.3891
Weisse_Blutkoerperchen	0.0226	0.0000	undef	0.0000
Haematopoetisch	0.0147			
Penis	0.0188			
Samenblase	0.0281			
Sinnesorgane	0.0000			

	FOETUS
	%Haeufigkeit
Entwicklung	0.0000
Gastrointenstinal	0.0167
Gehirn	0.0188
Haematopoetisch	0.0079
Haut	0.0000
Hepatisch	0.0000
Herz-Blutgefaesse	0.0356
Lunge	0.0145
Nebenniere	0.0254
Niere	0.0185
Placenta	0.0182
Prostata	0.0249
Sinnesorgane	0.0000

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
	%Haeufigkeit
Brust	0.0068
Brust_t	0.0000
Dickdarm_t	0.0000
Eierstock_n	0.1595
Eierstock_t	0.0000
Endokrines_Gewebe	0.0000
Foetal	0.0122
Gastrointestinal	0.0122
Haematopoetisch	0.0000
Haut-Muskel	0.0292
Hoden_n	0.0167
Hoden_t	0.0000
Lunge_n	0.0195
Lunge_t	0.0000
Nerven	0.0311
Niere_t	0.0000
Ovar_Uterus	0.0090
Prostata_n	0.0061
Sinnesorgane	0.0310
Weisse_Blutkoerperchen	0.0000

Elektronischer Northern fuer Seq-ID: 220

	NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse N/T	T/N
B_Lymphom	0.0050	0.0000	undef	0.0000
Blase	0.0078	0.0000	undef	0.0000
Brust	0.0088	0.0070	1.2524	0.7985
Dickdarm	0.0153	0.0085	1.7941	0.5574
Duenndarm	0.0192	0.0213	0.9018	1.1089
Eierstock	0.0059	0.0262	0.2262	4.4200
Endokrines_Gewebe	0.0337	0.0142	2.3766	0.4208
Gehirn	0.0156	0.0070	2.2381	0.4468
Haut	0.0073	0.0000	undef	0.0000
Hepatisch	0.0093	0.0063	1.4649	0.6826
Herz	0.0183	0.0000	undef	0.0000
Hoden	0.0161	0.0059	2.7142	0.3684
Lunge	0.0185	0.0111	1.6663	0.6001
Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef
Muskel-Skelett	0.0051	0.0037	1.3917	0.7186
Niere	0.0157	0.0048	3.2497	0.3077
Pankreas	0.0099	0.0055	1.7949	0.5571
Prostata	0.0160	0.0065	2.4600	0.4065
T_Lymphom	0.0152	0.0299	0.5072	1.9717
Uterus	0.0089	0.0046	1.9277	0.5188
Weisse_Blutkoerperchen	0.0164	0.0304	0.5410	1.8483
Haematopoetisch	0.0040			
Penis	0.0080			
Samenblase	0.0141			
Sinnesorgane	0.0118			

	FOETUS %Haeufigkeit
Entwicklung	0.0139
Gastrointenstinal	0.0056
Gehirn	0.0063
Haematopoetisch	0.0118
Haut	0.0000
Hepatisch	0.0000
Herz-Blutgefaesse	0.0178
Lunge	0.0072
Nebenniere	0.0000
Niere	0.0000
Placenta	0.0182
Prostata	0.0249
Sinnesorgane	0.0126

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN %Haeufigkeit
Brust	0.0000
Brust_t	0.0000
Dickdarm_t	0.0000
Eierstock_n	0.0000
Eierstock_t	0.0101
Endokrines_Gewebe	0.0000
Foetal	0.0058
Gastrointestinal	0.0000
Haematopoetisch	0.0000
Haut-Muskel	0.0194
Hoden_n	0.0084
Hoden_t	0.0000
Lunge_n	0.0195
Lunge_t	0.0000
Nerven	0.0090
Niere_t	0.0000
Ovar_Uterus	0.0090
Prostata_n	0.0121
Sinnesorgane	0.0000
Weisse_Blutkoerperchen	0.0000

Elektronischer Northern fuer Seq-ID: 221

	NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse N/T	T/N
B_Lymphom	0.0100	0.0000	undef	0.0000
Blase	0.0078	0.0047	1.6595	0.6026
Brust	0.0079	0.0056	1.4090	0.7097
Dickdarm	0.0057	0.0085	0.6728	1.4864
Duenndarm	0.0082	0.0000	undef	0.0000
Eierstock	0.0030	0.0143	0.2074	4.8219
Endokrines_Gewebe	0.0112	0.0106	1.0563	0.9467
Gehirn	0.0052	0.0040	1.3056	0.7659
Haut	0.0037	0.0000	undef	0.0000
Hepatisch	0.0000	0.0063	0.0000	undef
Herz	0.0132	0.0000	undef	0.0000
Hoden	0.0040	0.0000	undef	0.0000
Lunge	0.0117	0.0129	0.9021	1.1085
Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0064	0.0000	undef
Muskel-Skelett	0.0086	0.0074	1.1597	0.8623
Niere	0.0179	0.0048	3.7139	0.2693
Pankreas	0.0083	0.0000	undef	0.0000
Prostata	0.0113	0.0065	1.7364	0.5759
T_Lymphom	0.0000	0.0149	0.0000	undef
Uterus	0.0044	0.0046	0.9638	1.0375
Weisse_Blutkoerperchen	0.0075	0.0304	0.2480	4.0326
Haematopoetisch	0.0067			
Penis	0.0080			
Samenblase	0.0141			
Sinnesorgane	0.0118			

	FOETUS %Haeufigkeit
Entwicklung	0.0000
Gastrointenstinal	0.0028
Gehirn	0.0063
Haematopoetisch	0.0039
Haut	0.0000
Hepatisch	0.0000
Herz-Blutgefaesse	0.0000
Lunge	0.0000
Nebenniere	0.0000
Niere	0.0062
Placenta	0.0242
Prostata	0.0000
Sinnesorgane	0.0000

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN %Haeufigkeit
Brust	0.0000
Brust_t	0.0000
Dickdarm_t	0.0000
Eierstock_n	0.0000
Eierstock_t	0.0000
Endokrines_Gewebe	0.0000
Foetal	0.0023
Gastrointestinal	0.0000
Haematopoetisch	0.0000
Haut-Muskel	0.0065
Hoden_n	0.0042
Hoden_t	0.0000
Lunge_n	0.0195
Lunge_t	0.0000
Nerven	0.0050
Niere_t	0.0000
Ovar_Uterus	0.0000
Prostata_n	0.0121
Sinnesorgane	0.0774
Weisse_Blutkoerperchen	0.0000

Elektronischer Northern fuer Seq-ID: 222

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
B_Lymphom	0.0000	0.0000	undef	undef
Blase	0.0351	0.0047	7.4677	0.1339
Brust	0.0070	0.0014	5.0097	0.1996
Dickdarm	0.0115	0.0000	undef	0.0000
Duenndarm	0.0000	0.0000	undef	undef
Eierstock	0.0000	0.0024	0.0000	undef
Endokrines_Gewebe	0.0016	0.0035	0.4527	2.2091
Gehirn	0.0017	0.0060	0.2901	3.4467
Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
Hepatisch	0.0000	0.0063	0.0000	undef
Herz	0.0020	0.0137	0.1477	6.7715
Hoden	0.0040	0.0000	undef	0.0000
Lunge	0.0039	0.0018	2.1049	0.4751
Magen-Speiseroehre	0.0145	0.0000	undef	0.0000
Muskel-Skelett	0.0051	0.0000	undef	0.0000
Niere	0.0112	0.0000	undef	0.0000
Pankreas	0.0017	0.0055	0.2992	3.3427
Prostata	0.0075	0.0026	2.8941	0.3455
T_Lymphom	0.0025	0.0000	undef	0.0000
Uterus	0.0059	0.0046	1.2851	0.7781
Weisse_Blutkoerperchen	0.0027	0.0000	undef	0.0000
Haematopoetisch	0.0013			
Penis	0.0054			
Samenblase	0.0000			
Sinnesorgane	0.0000			

	FOETUS
	%Haeufigkeit
Entwicklung	0.0000
Gastrointenstinal	0.0000
Gehirn	0.0000
Haematopoetisch	0.0039
Haut	0.0000
Hepatisch	0.0000
Herz-Blutgefaesse	0.0000
Lunge	0.0000
Nebenniere	0.0254
Niere	0.0185
Placenta	0.0121
Prostata	0.0000
Sinnesorgane	0.0000

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
	%Haeufigkeit
Brust	0.0340
Brust_t	0.0000
Dickdarm_t	0.0000
Eierstock_n	0.0000
Eierstock_t	0.0000
Endokrines_Gewebe	0.0000
Foetal	0.0017
Gastrointestinal	0.0000
Haematopoetisch	0.0000
Haut-Muskel	0.0065
Hoden_n	0.0000
Hoden_t	0.0000
Lunge_n	0.0098
Lunge_t	0.0000
Nerven	0.0020
Niere_t	0.0000
Ovar_Uterus	0.0000
Prostata_n	0.0061
Sinnesorgane	0.0000
Weisse_Blutkoerperchen	0.0000

Elektronischer Northern fuer Seq-ID: 223

	NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse N/T	T/N
B_Lymphom	0.0100	0.0000	undef	0.0000
Blase	0.0273	0.0117	2.3233	0.4304
Brust	0.0150	0.0098	1.5208	0.6576
Dickdarm	0.0077	0.0028	2.6911	0.3716
Duenndarm	0.0110	0.0000	undef	0.0000
Eierstock	0.0089	0.0024	3.7330	0.2679
Endokrines_Gewebe	0.0016	0.0053	0.3018	3.3136
Gehirn	0.0069	0.0100	0.6963	1.4361
Haut	0.0037	0.0000	undef	0.0000
Hepatisch	0.0000	0.0190	0.0000	undef
Herz	0.0081	0.0137	0.5907	1.6929
Hoden	0.0040	0.0000	undef	0.0000
Lunge	0.0068	0.0111	0.6139	1.6289
Magen-Speiseroehre	0.0072	0.0128	0.5668	1.7644
Muskel-Skelett	0.0086	0.0037	2.3194	0.4311
Niere	0.0112	0.0000	undef	0.0000
Pankreas	0.0050	0.0055	0.8975	1.1142
Prostata	0.0141	0.0169	0.8348	1.1978
T_Lymphom	0.0202	0.0075	2.7049	0.3697
Uterus	0.0177	0.0000	undef	0.0000
Weisse_Blutkoerperchen	0.0096	0.0000	undef	0.0000
Haematopoetisch	0.0187			
Penis	0.0080			
Samenblase	0.0281			
Sinnesorgane	0.0000			

	FOETUS %Haeufigkeit
Entwicklung	0.0000
Gastrointenstinal	0.0056
Gehirn	0.0000
Haematopoetisch	0.0157
Haut	0.0000
Hepatisch	0.0000
Herz-Blutgefaesse	0.0071
Lunge	0.0145
Nebenniere	0.0000
Niere	0.0062
Placenta	0.0000
Prostata	0.0000
Sinnesorgane	0.0000

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN %Haeufigkeit
Brust	0.0068
Brust_t	0.0000
Dickdarm_t	0.0000
Eierstock_n	0.0000
Eierstock_t	0.0000
Endokrines_Gewebe	0.0000
Foetal	0.0046
Gastrointestinal	0.0122
Haematopoetisch	0.0000
Haut-Muskel	0.0000
Hoden_n	0.0000
Hoden_t	0.0000
Lunge_n	0.0098
Lunge_t	0.0000
Nerven	0.0010
Niere_t	0.0000
Ovar_Uterus	0.0023
Prostata_n	0.0121
Sinnesorgane	0.0155
Weisse_Blutkoerperchen	0.0000

Elektronischer Northern fuer Seq-ID: 224

	NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse N/T	T/N
B_Lymphom	0.0050	0.0000	undef	0.0000
Blase	0.0078	0.0000	undef	0.0000
Brust	0.0018	0.0112	0.1566	6.3876
Dickdarm	0.0057	0.0057	1.0092	0.9909
Duenndarm	0.0027	0.0000	undef	0.0000
Eierstock	0.0059	0.0143	0.4148	2.4109
Endokrines_Gewebe	0.0032	0.0053	0.6036	1.6568
Gehirn	0.0029	0.0060	0.4835	2.0680
Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
Hepatisch	0.0093	0.0000	undef	0.0000
Herz	0.0051	0.0000	undef	0.0000
Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
Lunge	0.0039	0.0037	1.0524	0.9502
Magen-Speiseroehre	0.0072	0.0000	undef	0.0000
Muskel-Skelett	0.0017	0.0037	0.4639	2.1557
Niere	0.0112	0.0048	2.3212	0.4308
Pankreas	0.0099	0.0055	1.7949	0.5571
Prostata	0.0066	0.0065	1.0129	0.9872
T_Lymphom	0.0025	0.0000	undef	0.0000
Uterus	0.0000	0.0000	undef	undef
Weisse_Blutkoerperchen	0.0034	0.0000	undef	0.0000
Haematopoetisch	0.0053			
Penis	0.0080			
Samenblase	0.0000			
Sinnesorgane	0.0000			

	FOETUS %Haeufigkeit
Entwicklung	0.0000
Gastrointenstinal	0.0056
Gehirn	0.0000
Haematopoetisch	0.0000
Haut	0.0000
Hepatisch	0.0260
Herz-Blutgefaesse	0.0107
Lunge	0.0000
Nebenniere	0.0000
Niere	0.0000
Placenta	0.0061
Prostata	0.0000
Sinnesorgane	0.0000

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN %Haeufigkeit
Brust	0.0000
Brust_t	0.0000
Dickdarm_t	0.0000
Eierstock_n	0.0000
Eierstock_t	0.0000
Endokrines_Gewebe	0.0000
Foetal	0.0000
Gastrointestinal	0.0000
Haematopoetisch	0.0000
Haut-Muskel	0.0000
Hoden_n	0.0000
Hoden_t	0.0000
Lunge_n	0.0098
Lunge_t	0.0000
Nerven	0.0030
Niere_t	0.0000
Ovar_Uterus	0.0000
Prostata_n	0.0243
Sinnesorgane	0.0000
Weisse_Blutkoerperchen	0.0000

Elektronischer Northern fuer Seq-ID: 225

	NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse N/T	T/N
B_Lymphom	0.0075	0.0136	0.5519	1.8120
Blase	0.0078	0.0023	3.3190	0.3013
Brust	0.0053	0.0056	0.9393	1.0646
Dickdarm	0.0057	0.0000	undef	0.0000
Duenndarm	0.0027	0.0000	undef	0.0000
Eierstock	0.0059	0.0072	0.8296	1.2055
Endokrines_Gewebe	0.0177	0.0018	9.9589	0.1004
Gehirn	0.0075	0.0050	1.5087	0.6628
Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
Hepatisch	0.0000	0.0127	0.0000	undef
Herz	0.0061	0.0000	undef	0.0000
Hoden	0.0161	0.0000	undef	0.0000
Lunge	0.0088	0.0111	0.7893	1.2669
Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0064	0.0000	undef
Muskel-Skelett	0.0034	0.0074	0.4639	2.1557
Niere	0.0090	0.0048	1.8570	0.5385
Pankreas	0.0099	0.0055	1.7949	0.5571
Prostata	0.0113	0.0013	8.6822	0.1152
T_Lymphom	0.0025	0.0075	0.3381	2.9576
Uterus	0.0059	0.0046	1.2851	0.7781
Weisse_Blutkoerperchen	0.0034	0.0000	undef	0.0000
Haematopoetisch	0.0053			
Penis	0.0080			
Samenblase	0.0000			
Sinnesorgane	0.0000			

	FOETUS %Haeufigkeit
Entwicklung	0.0000
Gastrointenstinal	0.0111
Gehirn	0.0000
Haematopoetisch	0.0039
Haut	0.0000
Hepatisch	0.0000
Herz-Blutgefaesse	0.0000
Lunge	0.0000
Nebenniere	0.0000
Niere	0.0000
Placenta	0.0182
Prostata	0.0000
Sinnesorgane	0.0000

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN %Haeufigkeit
Brust	0.0068
Brust_t	0.0000
Dickdarm_t	0.0000
Eierstock_n	0.0000
Eierstock_t	0.0000
Endokrines_Gewebe	0.0000
Foetal	0.0127
Gastrointestinal	0.0000
Haematopoetisch	0.0000
Haut-Muskel	0.0032
Hoden_n	0.0167
Hoden_t	0.0000
Lunge_n	0.0000
Lunge_t	0.0000
Nerven	0.0040
Niere_t	0.0000
Ovar_Uterus	0.0180
Prostata_n	0.0061
Sinnesorgane	0.0000
Weisse_Blutkoerperchen	0.0000

Elektronischer Northern fuer Seq-ID: 226

	NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse N/T	T/N
B_Lymphom	0.0000	0.0000	undef	undef
Blase	0.0000	0.0023	0.0000	undef
Brust	0.0053	0.0056	0.9393	1.0646
Dickdarm	0.0057	0.0000	undef	0.0000
Duenndarm	0.0000	0.0000	undef	undef
Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
Endokrines_Gewebe	0.0016	0.0053	0.3018	3.3136
Gehirn	0.0035	0.0020	1.7408	0.5745
Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
Hepatisch	0.0046	0.0000	undef	0.0000
Herz	0.0010	0.0000	undef	0.0000
Hoden	0.0000	0.0059	0.0000	undef
Lunge	0.0019	0.0000	undef	0.0000
Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef
Muskel-Skelett	0.0017	0.0000	undef	0.0000
Niere	0.0045	0.0048	0.9285	1.0770
Pankreas	0.0033	0.0000	undef	0.0000
Prostata	0.0038	0.0000	undef	0.0000
T_Lymphom	0.0000	0.0000	undef	undef
Uterus	0.0059	0.0046	1.2851	0.7781
Weisse_Blutkoerperchen	0.0027	0.0000	undef	0.0000
Haematopoetisch	0.0000			
Penis	0.0080			
Samenblase	0.0000			
Sinnesorgane	0.0118			

	FOETUS %Haeufigkeit
Entwicklung	0.0000
Gastrointenstinal	0.0000
Gehirn	0.0125
Haematopoetisch	0.0000
Haut	0.0000
Hepatisch	0.0000
Herz-Blutgefaesse	0.0036
Lunge	0.0036
Nebenniere	0.0000
Niere	0.0062
Placenta	0.0000
Prostata	0.0000
Sinnesorgane	0.0000

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN %Haeufigkeit
Brust	0.0000
Brust_t	0.0000
Dickdarm_t	0.0000
Eierstock_n	0.1595
Eierstock_t	0.0000
Endokrines_Gewebe	0.0000
Foetal	0.0046
Gastrointestinal	0.0000
Haematopoetisch	0.0000
Haut-Muskel	0.0097
Hoden_n	0.0000
Hoden_t	0.0000
Lunge_n	0.0000
Lunge_t	0.0000
Nerven	0.0070
Niere_t	0.0000
Ovar_Uterus	0.0023
Prostata_n	0.0182
Sinnesorgane	0.0077
Weisse_Blutkoerperchen	0.0000

Elektronischer Northern fuer Seq-ID: 227

	NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse N/T	T/N
B_Lymphom	0.0038	0.0000	undef	0.0000
Blase	0.0000	0.0094	0.0000	undef
Brust	0.0025	0.0089	0.2799	3.5727
Dickdarm	0.0057	0.0228	0.2523	3.9638
Duenndarm	0.0082	0.0000	undef	0.0000
Eierstock	0.0059	0.0095	0.6222	1.6073
Endokrines_Gewebe	0.0096	0.0033	2.9275	0.3416
Gehirn	0.0134	0.0050	2.6904	0.3717
Haut	0.0037	0.0000	undef	0.0000
Hepatisch	0.0093	0.0063	1.4649	0.6826
Herz	0.0081	0.0137	0.5907	1.6928
Hoden	0.0161	0.0000	undef	0.0000
Lunge	0.0049	0.0037	1.3158	0.7600
Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0165	0.0000	undef
Muskel-Skelett	0.0000	0.0074	0.0000	undef
Niere	0.0112	0.0000	undef	0.0000
Pankreas	0.0033	0.0092	0.3604	2.7748
Prostata	0.0113	0.0078	1.4470	0.6911
T_Lymphom	0.0033	0.0173	0.1901	5.2613
Uterus	0.0118	0.0046	2.5702	0.3891
Weisse_Blutkoerperchen	0.0023	0.0000	undef	0.0000
Haematopoetisch	0.0047			
Penis	0.0027			
Samenblase	0.0000			
Sinnesorgane	0.0118			

	FOETUS %Haeufigkeit
Entwicklung	0.0278
Gastrointenstinal	0.0111
Gehirn	0.0000
Haut	0.0000
Hepatisch	0.0000
Herz-Blutgefaesse	0.0036
Lunge	0.0108
Nebenniere	0.0000
Niere	0.0000
Placenta	0.0000
Prostata	0.0000
Sinnesorgane	0.0126

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN %Haeufigkeit
Brust	0.0068
Brust_t	0.0000
Dickdarm_t	0.0125
Eierstock_t	0.0379
Endokrines_Gewebe	0.0000
Foetal	0.0066
Gastrointestinal	0.0000
Haematopoetisch	0.0000
Haut-Muskel	0.0090
Hoden_n	0.0169
Hoden_t	0.0228
Lunge_n	0.0000
Lunge_t	0.0000
Nerven	0.0191
Niere_t	0.0495
Ovar_Uterus	0.0325
Prostata_n	0.0182
Sinnesorgane	0.0077

Elektronischer Northern fuer Seq-ID: 228

	NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse N/T	T/N
B_Lymphom	0.0025	0.0000	undef	0.0000
Blase	0.0000	0.0094	0.0000	undef
Brust	0.0070	0.0056	1.2524	0.7985
Dickdarm	0.0057	0.0000	undef	0.0000
Duenndarm	0.0055	0.0000	undef	0.0000
Eierstock	0.0148	0.0048	3.1108	0.3215
Endokrines_Gewebe	0.0016	0.0018	0.9054	1.1045
Gehirn	0.0064	0.0060	1.0638	0.9400
Haut	0.0110	0.0000	undef	0.0000
Hepatisch	0.0000	0.0127	0.0000	undef
Herz	0.0030	0.0000	undef	0.0000
Hoden	0.0080	0.0118	0.6786	1.4737
Lunge	0.0019	0.0074	0.2631	3.8007
Magen-Speiseroehre	0.0145	0.0000	undef	0.0000
Muskel-Skelett	0.0034	0.0000	undef	0.0000
Niere	0.0045	0.0000	undef	0.0000
Pankreas	0.0017	0.0000	undef	0.0000
Prostata	0.0057	0.0026	2.1706	0.4607
T_Lymphom	0.0025	0.0000	undef	0.0000
Uterus	0.0015	0.0046	0.3213	3.1125
Weisse_Blutkoerperchen	0.0048	0.0000	undef	0.0000
Haematopoetisch	0.0067			
Penis	0.0027			
Samenblase	0.0070			
Sinnesorgane	0.0118			

	FOETUS %Haeufigkeit
Entwicklung	0.0000
Gastrointenstinal	0.0111
Gehirn	0.0000
Haematopoetisch	0.0039
Haut	0.0000
Hepatisch	0.0000
Herz-Blutgefaesse	0.0000
Lunge	0.0072
Nebenniere	0.0000
Niere	0.0000
Placenta	0.0121
Prostata	0.0249
Sinnesorgane	0.0000

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN %Haeufigkeit
Brust	0.0136
Brust_t	0.0000
Dickdarm_t	0.0000
Eierstock_n	0.0000
Eierstock_t	0.0000
Endokrines_Gewebe	0.0245
Foetal	0.0017
Gastrointestinal	0.0122
Haematopoetisch	0.0000
Haut-Muskel	0.0032
Hoden_n	0.0042
Hoden_t	0.0000
Lunge_n	0.0098
Lunge_t	0.0000
Nerven	0.0060
Niere_t	0.0000
Ovar_Uterus	0.0023
Prostata_n	0.0182
Sinnesorgane	0.0000
Weisse_Blutkoerperchen	0.0000

Elektronischer Northern fuer Seq-ID: 229

	NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse N/T	T/N
B_Lymphom	0.0000	0.0000	undef	undef
Blase	0.0039	0.0023	1.6595	0.6026
Brust	0.0018	0.0000	undef	0.0000
Dickdarm	0.0019	0.0028	0.6728	1.4864
Duenndarm	0.0027	0.0000	undef	0.0000
Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
Endokrines_Gewebe	0.0016	0.0000	undef	0.0000
Gehirn	0.0000	0.0020	0.0000	undef
Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
Hoden	0.0000	0.0059	0.0000	undef
Lunge	0.0010	0.0018	0.5262	1.9004
Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef
Muskel-Skelett	0.0017	0.0037	0.4639	2.1557
Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
Pankreas	0.0017	0.0000	undef	0.0000
Prostata	0.0038	0.0000	undef	0.0000
T_Lymphom	0.0000	0.0000	undef	undef
Uterus	0.0000	0.0000	undef	undef
Weisse_Blutkoerperchen	0.0007	0.0000	undef	0.0000
Haematopoetisch	0.0000			
Penis	0.0027			
Samenblase	0.0000			
Sinnesorgane	0.0000			

	FOETUS %Haeufigkeit
Entwicklung	0.0000
Gastrointenstinal	0.0000
Gehirn	0.0000
Haematopoetisch	0.0000
Haut	0.0000
Hepatisch	0.0000
Herz-Blutgefaesse	0.0000
Lunge	0.0036
Nebenniere	0.0000
Niere	0.0000
Placenta	0.0000
Prostata	0.0000
Sinnesorgane	0.0000

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN %Haeufigkeit
Brust	0.0000
Brust_t	0.0000
Dickdarm_t	0.0000
Eierstock_n	0.0000
Eierstock_t	0.0000
Endokrines_Gewebe	0.0000
Foetal	0.0035
Gastrointestinal	0.0122
Haematopoetisch	0.0000
Haut-Muskel	0.0000
Hoden_n	0.0000
Hoden_t	0.0000
Lunge_n	0.0000
Lunge_t	0.0000
Nerven	0.0000
Niere_t	0.0000
Ovar_Uterus	0.0000
Prostata_n	0.0121
Sinnesorgane	0.0000
Weisse_Blutkoerperchen	0.0000

Elektronischer Northern fuer Seq-ID: 230

	NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse N/T	T/N
B_Lymphom	0.0050	0.0136	0.3679	2.7181
Blase	0.0000	0.0023	0.0000	undef
Brust	0.0053	0.0042	1.2524	0.7985
Dickdarm	0.0038	0.0057	0.6728	1.4864
Duenndarm	0.0055	0.0000	undef	0.0000
Eierstock	0.0148	0.0072	2.0739	0.4822
Endokrines_Gewebe	0.0080	0.0106	0.7545	1.3254
Gehirn	0.0046	0.0060	0.7737	1.2925
Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
Hepatisch	0.0093	0.0000	undef	0.0000
Herz	0.0041	0.0000	undef	0.0000
Hoden	0.0120	0.0000	undef	0.0000
Lunge	0.0010	0.0018	0.5262	1.9004
Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef
Muskel-Skelett	0.0086	0.0185	0.4639	2.1557
Niere	0.0022	0.0048	0.4642	2.1540
Pankreas	0.0017	0.0000	undef	0.0000
Prostata	0.0019	0.0013	1.4470	0.6911
T_Lymphom	0.0000	0.0075	0.0000	undef
Uterus	0.0015	0.0230	0.0643	15.5627
Weisse_Blutkoerperchen	0.0014	0.0000	undef	0.0000
Haematopoetisch	0.0027			
Penis	0.0027			
Samenblase	0.0000			
Sinnesorgane	0.0000			

	FOETUS %Haeufigkeit
Entwicklung	0.0000
Gastrointenstinal	0.0139
Gehirn	0.0188
Haematopoetisch	0.0000
Haut	0.0000
Hepatisch	0.0000
Herz-Blutgefaesse	0.0000
Lunge	0.0000
Nebenniere	0.0000
Niere	0.0062
Placenta	0.0061
Prostata	0.0000
Sinnesorgane	0.0126

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN %Haeufigkeit
Brust	0.0000
Brust_t	0.0000
Dickdarm_t	0.0000
Eierstock_n	0.0000
Eierstock_t	0.0000
Endokrines_Gewebe	0.0000
Foetal	0.0151
Gastrointestinal	0.0000
Haematopoetisch	0.0000
Haut-Muskel	0.0130
Hoden_n	0.0376
Hoden_t	0.0000
Lunge_n	0.0098
Lunge_t	0.0000
Nerven	0.0100
Niere_t	0.0000
Ovar_Uterus	0.0045
Prostata_n	0.0182
Sinnesorgane	0.0310
Weisse_Blutkoerperchen	0.0000

Elektronischer Northern fuer Seq-ID: 231

	NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse N/T	T/N
B_Lymphom	0.0000	0.0136	0.0000	undef
Blase	0.0117	0.0047	2.4892	0.4017
Brust	0.0053	0.0028	1.8786	0.5323
Dickdarm	0.0038	0.0000	undef	0.0000
Duenndarm	0.0110	0.0213	0.5153	1.9406
Eierstock	0.0030	0.0072	0.4148	2.4109
Endokrines_Gewebe	0.0064	0.0053	1.2071	0.8284
Gehirn	0.0064	0.0140	0.4559	2.1934
Haut	0.0110	0.0000	undef	0.0000
Hepatisch	0.0000	0.0254	0.0000	undef
Herz	0.0000	0.0137	0.0000	undef
Hoden	0.0000	0.0059	0.0000	undef
Lunge	0.0068	0.0055	1.2278	0.8144
Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef
Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
Niere	0.0067	0.0096	0.6964	1.4360
Pankreas	0.0017	0.0000	undef	0.0000
Prostata	0.0104	0.0039	2.6529	0.3769
T_Lymphom	0.0025	0.0075	0.3381	2.9576
Uterus	0.0044	0.0000	undef	0.0000
Weisse_Blutkoerperchen	0.0027	0.0000	undef	0.0000
Haematopoetisch	0.0013			
Penis	0.0080			
Samenblase	0.0070			
Sinnesorgane	0.0000			

	FOETUS %Haeufigkeit
Entwicklung	0.0418
Gastrointenstinal	0.0000
Gehirn	0.0125
Haematopoetisch	0.0039
Haut	0.0000
Hepatisch	0.0000
Herz-Blutgefaesse	0.0071
Lunge	0.0000
Nebenniere	0.0000
Niere	0.0062
Placenta	0.0000
Prostata	0.0000
Sinnesorgane	0.0000

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN %Haeufigkeit
Brust	0.0000
Brust_t	0.0000
Dickdarm_t	0.0000
Eierstock_n	0.0000
Eierstock_t	0.0051
Endokrines_Gewebe	0.0000
Foetal	0.0017
Gastrointestinal	0.0244
Haematopoetisch	0.0000
Haut-Muskel	0.0000
Hoden_n	0.0000
Hoden_t	0.0000
Lunge_n	0.0098
Lunge_t	0.0000
Nerven	0.0030
Niere_t	0.0000
Ovar_Uterus	0.0023
Prostata_n	0.0061
Sinnesorgane	0.0000
Weisse_Blutkoerperchen	0.0000

Elektronischer Northern fuer Seq-ID: 232

	NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse N/T	T/N
B_Lymphom	0.0100	0.0136	0.7358	1.3590
Blase	0.0117	0.0094	1.2446	0.8035
Brust	0.0150	0.0056	2.6614	0.3757
Dickdarm	0.0038	0.0199	0.1922	5.2023
Duenndarm	0.0110	0.0000	undef	0.0000
Eierstock	0.0119	0.0215	0.5530	1.8082
Endokrines_Gewebe	0.0048	0.0053	0.9054	1.1045
Gehirn	0.0046	0.0040	1.1605	0.8617
Haut	0.0037	0.0000	undef	0.0000
Hepatisch	0.0046	0.0190	0.2441	4.0959
Herz	0.0142	0.0137	1.0337	0.9674
Hoden	0.0080	0.0118	0.6786	1.4737
Lunge	0.0078	0.0092	0.8419	1.1877
Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0064	0.0000	undef
Muskel-Skelett	0.0034	0.0074	0.4639	2.1557
Niere	0.0067	0.0096	0.6964	1.4360
Pankreas	0.0066	0.0000	undef	0.0000
Prostata	0.0123	0.0039	3.1353	0.3190
T_Lymphom	0.0101	0.0224	0.4508	2.2182
Uterus	0.0044	0.0046	0.9638	1.0375
Weisse_Blutkoerperchen	0.0062	0.0000	undef	0.0000
Haematopoetisch	0.0134			
Penis	0.0134			
Samenblase	0.0000			
Sinnesorgane	0.0118			

	FOETUS %Haeufigkeit
Entwicklung	0.0000
Gastrointenstinal	0.0139
Gehirn	0.0000
Haematopoetisch	0.0157
Haut	0.0000
Hepatisch	0.0000
Herz-Blutgefaesse	0.0107
Lunge	0.0181
Nebenniere	0.0254
Niere	0.0000
Placenta	0.0121
Prostata	0.0000
Sinnesorgane	0.0000

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN %Haeufigkeit
Brust	0.0000
Brust_t	0.0000
Dickdarm_t	0.0000
Eierstock_n	0.0000
Eierstock_t	0.0152
Endokrines_Gewebe	0.0245
Foetal	0.0087
Gastrointestinal	0.0000
Haematopoetisch	0.0000
Haut-Muskel	0.0065
Hoden_n	0.0376
Hoden_t	0.0000
Lunge_n	0.0293
Lunge_t	0.0000
Nerven	0.0100
Niere_t	0.0000
Ovar_Uterus	0.0338
Prostata_n	0.0061
Sinnesorgane	0.0000
Weisse_Blutkoerperchen	0.0000

Elektronischer Northern fuer Seq-ID: 233

	NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse N/T	T/N
B_Lymphom	0.0050	0.0000	undef	0.0000
Blase	0.0078	0.0117	0.6638	1.5065
Brust	0.0088	0.0155	0.5693	1.7566
Dickdarm	0.0211	0.0028	7.4006	0.1351
Duenndarm	0.0027	0.0000	undef	0.0000
Eierstock	0.0119	0.0024	4.9773	0.2009
Endokrines_Gewebe	0.0032	0.0142	0.2263	4.4181
Gehirn	0.0035	0.0000	undef	0.0000
Haut	0.0257	0.0000	undef	0.0000
Hepatisch	0.0279	0.0000	undef	0.0000
Herz	0.0071	0.0137	0.5169	1.9347
Hoden	0.0040	0.0000	undef	0.0000
Lunge	0.0292	0.0148	1.9733	0.5068
Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0064	0.0000	undef
Muskel-Skelett	0.0017	0.0000	undef	0.0000
Niere	0.0269	0.0000	undef	0.0000
Pankreas	0.0165	0.0000	undef	0.0000
Prostata	0.0141	0.0052	2.7132	0.3686
T_Lymphom	0.0000	0.0000	undef	undef
Uterus	0.0044	0.0000	undef	0.0000
Weisse_Blutkoerperchen	0.0000	0.0000	undef	undef
Haematopoetisch	0.0040			
Penis	0.0000			
Samenblase	0.0070			
Sinnesorgane	0.0000			

	FOETUS %Haeufigkeit
Entwicklung	0.0000
Gastrointenstinal	0.0056
Gehirn	0.0000
Haematopoetisch	0.0039
Haut	0.0000
Hepatisch	0.0000
Herz-Blutgefaesse	0.0036
Lunge	0.0145
Nebenniere	0.0254
Niere	0.0000
Placenta	0.0000
Prostata	0.0000
Sinnesorgane	0.0000

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN %Haeufigkeit
Brust	0.0000
Brust_t	0.0000
Dickdarm_t	0.0000
Eierstock_n	0.0000
Eierstock_t	0.0000
Endokrines_Gewebe	0.0000
Foetal	0.0058
Gastrointestinal	0.0244
Haematopoetisch	0.0000
Haut-Muskel	0.0130
Hoden_n	0.0000
Hoden_t	0.0000
Lunge_n	0.0293
Lunge_t	0.0000
Nerven	0.0020
Niere_t	0.0000
Ovar_Uterus	0.0068
Prostata_n	0.0243
Sinnesorgane	0.0000
Weisse_Blutkoerperchen	0.0000

Elektronischer Northern fuer Seq-ID: 234

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
B_Lymphom	0.0025	0.0000	undef	0.0000
Blase	0.0000	0.0094	0.0000	undef
Brust	0.0035	0.0056	0.6262	1.5969
Dickdarm	0.0038	0.0000	undef	0.0000
Duenndarm	0.0027	0.0000	undef	0.0000
Eierstock	0.0059	0.0000	undef	0.0000
Endokrines_Gewebe	0.0048	0.0018	2.7161	0.3682
Gehirn	0.0035	0.0010	3.4816	0.2872
Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
Hepatisch	0.0000	0.0063	0.0000	undef
Herz	0.0020	0.0000	undef	0.0000
Hoden	0.0040	0.0000	undef	0.0000
Lunge	0.0049	0.0000	undef	0.0000
Magen-Speiseroehre	0.0072	0.0000	undef	0.0000
Muskel-Skelett	0.0017	0.0037	0.4639	2.1557
Niere	0.0022	0.0000	undef	0.0000
Pankreas	0.0017	0.0000	undef	0.0000
Prostata	0.0038	0.0000	undef	0.0000
T_Lymphom	0.0126	0.0000	undef	0.0000
Uterus	0.0074	0.0046	1.6064	0.6225
Weisse_Blutkoerperchen	0.0055	0.0304	0.1803	5.5448
Haematopoetisch	0.0013			
Penis	0.0000			
Samenblase	0.0141			
Sinnesorgane	0.0000			

	FOETUS
	%Haeufigkeit
Entwicklung	0.0139
Gastrointenstinal	0.0139
Gehirn	0.0063
Haematopoetisch	0.0039
Haut	0.0000
Hepatisch	0.0000
Herz-Blutgefaesse	0.0000
Lunge	0.0036
Nebenniere	0.0000
Niere	0.0124
Piacenta	0.0061
Prostata	0.0000
Sinnesorgane	0.0000

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
	%Haeufigkeit
Brust	0.0000
Brust_t	0.0000
Dickdarm_t	0.0000
Eierstock_n	0.0000
Eierstock_t	0.0253
Endokrines_Gewebe	0.0000
Foetal	0.0029
Gastrointestinal	0.0122
Haematopoetisch	0.0000
Haut-Muskel	0.0000
Hoden_n	0.0042
Hoden_t	0.0000
Lunge_n	0.0000
Lunge_t	0.0000
Nerven	0.0090
Niere_t	0.0000
Ovar_Uterus	0.0113
Prostata_n	0.0061
Sinnesorgane	0.0000
Weisse_Blutkoerperchen	0.0000

Elektronischer Northern fuer Seq-ID: 235

	NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse N/T	T/N
B_Lymphom	0.0000	0.0136	0.0000	undef
Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
Brust	0.0000	0.0014	0.0000	undef
Dickdarm	0.0000	0.0000	undef	undef
Duenndarm	0.0000	0.0107	0.0000	undef
Eierstock	0.0059	0.0048	1.2443	0.8036
Endokrines_Gewebe	0.0016	0.0053	0.3018	3.3136
Gehirn	0.0006	0.0030	0.1934	5.1701
Haut	0.0037	0.0000	undef	0.0000
Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
Herz	0.0010	0.0000	undef	0.0000
Hoden	0.0080	0.0000	undef	0.0000
Lunge	0.0019	0.0000	undef	0.0000
Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef
Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
Prostata	0.0038	0.0000	undef	0.0000
T_Lymphom	0.0000	0.0000	undef	undef
Uterus	0.0000	0.0046	0.0000	undef
Weisse_Blutkoerperchen	0.0007	0.0000	undef	0.0000
Haematopoetisch	0.0000			
Penis	0.0027			
Samenblase	0.0000			
Sinnesorgane	0.0000			

	FOETUS %Haeufigkeit
Entwicklung	0.0000
Gastrointenstinal	0.0000
Gehirn	0.0063
Haematopoetisch	0.0000
Haut	0.0000
Hepatisch	0.0000
Herz-Blutgefaesse	0.0000
Lunge	0.0072
Nebenniere	0.0000
Niere	0.0062
Placenta	0.0000
Prostata	0.0000
Sinnesorgane	0.0000

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN %Haeufigkeit
Brust	0.0000
Brust_t	0.0000
Dickdarm_t	0.0000
Eierstock_n	0.0000
Eierstock_t	0.0000
Endokrines_Gewebe	0.0000
Foetal	0.0017
Gastrointestinal	0.0000
Haematopoetisch	0.0000
Haut-Muskel	0.0000
Hoden_n	0.0042
Hoden_t	0.0000
Lunge_n	0.0195
Lunge_t	0.0000
Nerven	0.0010
Niere_t	0.0000
Ovar_Uterus	0.0023
Prostata_n	0.0182
Sinnesorgane	0.0000
Weisse_Blutkoerperchen	0.0000

Elektronischer Northern fuer Seq-ID: 236

	NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse N/T	T/N
B_Lymphom	0.0100	0.0000	undef	0.0000
Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
Brust	0.0194	0.0084	2.2961	0.4355
Dickdarm	0.0096	0.0000	undef	0.0000
Duenndarm	0.0055	0.0000	undef	0.0000
Eierstock	0.0059	0.0024	2.4887	0.4018
Endokrines_Gewebe	0.0128	0.0053	2.4143	0.4142
Gehirn	0.0041	0.0070	0.5803	1.7234
Haut	0.0037	0.0000	undef	0.0000
Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
Herz	0.0051	0.0000	undef	0.0000
Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
Lunge	0.0058	0.0092	0.6315	1.5836
Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef
Muskel-Skelett	0.0051	0.0037	1.3917	0.7186
Niere	0.0090	0.0000	undef	0.0000
Pankreas	0.0050	0.0000	undef	0.0000
Prostata	0.0104	0.0039	2.6529	0.3769
T_Lymphom	0.0025	0.0075	0.3381	2.9576
Uterus	0.0118	0.0000	undef	0.0000
Weisse_Blutkoerperchen	0.0089	0.0000	undef	0.0000
Haematopoetisch	0.0134			
Penis	0.0080			
Samenblase	0.0000			
Sinnesorgane	0.0000			

	FOETUS %Haeufigkeit
Entwicklung	0.0000
Gastrointenstinal	0.0056
Gehirn	0.0000
Haematopoetisch	0.0118
Haut	0.0000
Hepatisch	0.0000
Herz-Blutgefaesse	0.0036
Lunge	0.0000
Nebenniere	0.0000
Niere	0.0000
Placenta	0.0242
Prostata	0.0000
Sinnesorgane	0.0000

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN %Haeufigkeit
Brust	0.0204
Brust_t	0.0000
Dickdarm_t	0.0000
Eierstock_n	0.0000
Eierstock_t	0.0000
Endokrines_Gewebe	0.0000
Foetal	0.0093
Gastrointestinal	0.0000
Haematopoetisch	0.0000
Haut-Muskel	0.0065
Hoden_n	0.0000
Hoden_t	0.0000
Lunge_n	0.0000
Lunge_t	0.0000
Nerven	0.0060
Niere_t	0.0000
Ovar_Uterus	0.0045
Prostata_n	0.0182
Sinnesorgane	0.0000
Weisse_Blutkoerperchen	0.0000

Elektronischer Northern fuer Seq-ID: 237

	NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse N/T	T/N
B_Lymphom	0.0025	0.0000	undef	0.0000
Blase	0.0000	0.0023	0.0000	undef
Brust	0.0176	0.0070	2.5048	0.3992
Dickdarm	0.0077	0.0057	1.3456	0.7432
Duenndarm	0.0055	0.0000	undef	0.0000
Eierstock	0.0030	0.0072	0.4148	2.4109
Endokrines_Gewebe	0.0032	0.0035	0.9054	1.1045
Gehirn	0.0069	0.0010	6.9631	0.1436
Haut	0.0037	0.0000	undef	0.0000
Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
Herz	0.0061	0.0137	0.4430	2.2572
Hoden	0.0080	0.0000	undef	0.0000
Lunge	0.0029	0.0037	0.7893	1.2669
Magen-Speiseroehre	0.0072	0.0000	undef	0.0000
Muskel-Skelett	0.0000	0.0037	0.0000	undef
Niere	0.0134	0.0048	2.7855	0.3590
Pankreas	0.0017	0.0055	0.2992	3.3427
Prostata	0.0085	0.0026	3.2558	0.3071
T_Lymphom	0.0025	0.0000	undef	0.0000
Uterus	0.0074	0.0000	undef	0.0000
Weisse_Blutkoerperchen	0.0027	0.0000	undef	0.0000
Haematopoetisch	0.0000			
Penis	0.0054			
Samenblase	0.0000			
Sinnesorgane	0.0118			

	FOETUS %Haeufigkeit
Entwicklung	0.0000
Gastrointenstinal	0.0056
Gehirn	0.0000
Haematopoetisch	0.0079
Haut	0.0000
Hepatisch	0.0520
Herz-Blutgefaesse	0.0036
Lunge	0.0072
Nebenniere	0.0000
Niere	0.0062
Placenta	0.0000
Prostata	0.0000
Sinnesorgane	0.0000

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN %Haeufigkeit
Brust	0.0000
Brust_t	0.0000
Dickdarm_t	0.0000
Eierstock_n	0.0000
Eierstock_t	0.0253
Endokrines_Gewebe	0.0000
Foetal	0.0041
Gastrointestinal	0.0000
Haematopoetisch	0.0000
Haut-Muskel	0.0097
Hoden_n	0.0084
Hoden_t	0.0000
Lunge_n	0.0000
Lunge_t	0.0000
Nerven	0.0070
Niere_t	0.0000
Ovar_Uterus	0.0203
Prostata_n	0.0000
Sinnesorgane	0.0000
Weisse_Blutkoerperchen	0.0000

Elektronischer Northern fuer Seq-ID: 238

	NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse N/T	T/N
B_Lymphom	0.0075	0.0000	undef	0.0000
Blase	0.0000	0.0047	0.0000	undef
Brust	0.0009	0.0014	0.6262	1.5969
Dickdarm	0.0019	0.0028	0.6728	1.4864
Duenndarm	0.0000	0.0000	undef	undef
Eierstock	0.0148	0.0024	6.2217	0.1607
Endokrines_Gewebe	0.0016	0.0018	0.9054	1.1045
Gehirn	0.0017	0.0060	0.2901	3.4467
Haut	0.0037	0.0789	0.0466	21.4787
Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
Herz	0.0051	0.0000	undef	0.0000
Hoden	0.0120	0.0118	1.0178	0.9825
Lunge	0.0029	0.0018	1.5786	0.6335
Magen-Speiseroehre	0.0072	0.0000	undef	0.0000
Muskel-Skelett	0.0017	0.0000	undef	0.0000
Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
Pankreas	0.0017	0.0000	undef	0.0000
Prostata	0.0113	0.0026	4.3411	0.2304
T_Lymphom	0.0025	0.0000	undef	0.0000
Uterus	0.0030	0.0092	0.3213	3.1125
Weisse_Blutkoerperchen	0.0027	0.0000	undef	0.0000
Haematopoetisch	0.0040			
Penis	0.0027			
Samenblase	0.0070			
Sinnesorgane	0.0000			

	FOETUS %Haeufigkeit
Entwicklung	0.0000
Gastrointenstinal	0.0056
Gehirn	0.0000
Haematopoetisch	0.0157
Haut	0.0000
Hepatisch	0.0000
Herz-Blutgefaesse	0.0000
Lunge	0.0036
Nebenniere	0.0000
Niere	0.0000
Placenta	0.0000
Prostata	0.0000
Sinnesorgane	0.0000

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN %Haeufigkeit
Brust	0.0000
Brust_t	0.0000
Dickdarm_t	0.0000
Eierstock_n	0.0000
Eierstock_t	0.0152
Endokrines_Gewebe	0.0000
Foetal	0.0006
Gastrointestinal	0.0000
Haematopoetisch	0.0000
Haut-Muskel	0.0000
Hoden_n	0.0042
Hoden_t	0.0000
Lunge_n	0.0000
Lunge_t	0.0000
Nerven	0.0060
Niere_t	0.0000
Ovar_Uterus	0.0068
Prostata_n	0.0061
Sinnesorgane	0.0000
Weisse_Blutkoerperchen	0.0000

Elektronischer Northern fuer Seq-ID: 239

	NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse N/T	T/N
B_Lymphom	0.0125	0.0000	undef	0.0000
Blase	0.0156	0.0094	1.6595	0.6026
Brust	0.0141	0.0225	0.6262	1.5969
Dickdarm	0.0172	0.0085	2.0184	0.4955
Duenndarm	0.0192	0.0213	0.9018	1.1089
Eierstock	0.0237	0.0262	0.9050	1.1050
Endokrines_Gewebe	0.0144	0.0160	0.9054	1.1045
Gehirn	0.0197	0.0269	0.7307	1.3686
Haut	0.0184	0.0000	undef	0.0000
Hepatisch	0.0279	0.0190	1.4649	0.6826
Herz	0.0203	0.0275	0.7384	1.3543
Hoden	0.0040	0.0059	0.6786	1.4737
Lunge	0.0175	0.0166	1.0524	0.9502
Magen-Speiseroehre	0.0217	0.0000	undef	0.0000
Muskel-Skelett	0.0103	0.0037	2.7833	0.3593
Niere	0.0112	0.0289	0.3869	2.5849
Pankreas	0.0116	0.0055	2.0941	0.4775
Prostata	0.0141	0.0039	3.6176	0.2764
T_Lymphom	0.0025	0.0075	0.3381	2.9576
Uterus	0.0148	0.0184	0.8032	1.2450
Weisse_Blutkoerperchen	0.0068	0.0000	undef	0.0000
Haematopoetisch	0.0040			
Penis	0.0134			
Samenblase	0.0070			
Sinnesorgane	0.0235			

	FOETUS %Haeufigkeit
Entwicklung	0.0000
Gastrointenstinal	0.0167
Gehirn	0.0125
Haematopoetisch	0.0157
Haut	0.0000
Hepatisch	0.0260
Herz-Blutgefaesse	0.0213
Lunge	0.0072
Nebenniere	0.0000
Niere	0.0062
Placenta	0.0061
Prostata	0.0000
Sinnesorgane	0.0126

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN %Haeufigkeit
Brust	0.0000
Brust_t	0.0000
Dickdarm_t	0.0000
Eierstock_n	0.0000
Eierstock_t	0.0000
Endokrines_Gewebe	0.0245
Foetal	0.0168
Gastrointestinal	0.0122
Haematopoetisch	0.0000
Haut-Muskel	0.0227
Hoden_n	0.0125
Hoden_t	0.0000
Lunge_n	0.0098
Lunge_t	0.0000
Nerven	0.0261
Niere_t	0.0000
Ovar_Uterus	0.0068
Prostata_n	0.0243
Sinnesorgane	0.0000
Weisse_Blutkoerperchen	0.0000

Elektronischer Northern fuer Seq-ID: 240

	NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse N/T	T/N
B_Lymphom	0.0025	0.0000	undef	0.0000
Blase	0.0000	0.0023	0.0000	undef
Brust	0.0035	0.0014	2.5048	0.3992
Dickdarm	0.0019	0.0000	undef	0.0000
Duenndarm	0.0000	0.0000	undef	undef
Eierstock	0.0000	0.0024	0.0000	undef
Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
Gehirn	0.0041	0.0020	2.0309	0.4924
Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
Herz	0.0010	0.0137	0.0738	13.5431
Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef
Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef
Muskel-Skelett	0.0034	0.0037	0.9278	1.0778
Niere	0.0022	0.0000	undef	0.0000
Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
Prostata	0.0057	0.0039	1.4470	0.6911
T_Lymphom	0.0126	0.0000	undef	0.0000
Uterus	0.0015	0.0000	undef	0.0000
Weisse_Blutkoerperchen	0.0062	0.0000	undef	0.0000
Haematopoetisch	0.0027			
Penis	0.0000			
Samenblase	0.0000			
Sinnesorgane	0.0000			

	FOETUS %Haeufigkeit
Entwicklung	0.0000
Gastrointenstinal	0.0056
Gehirn	0.0000
Haematopoetisch	0.0039
Haut	0.0000
Hepatisch	0.0000
Herz-Blutgefaesse	0.0000
Lunge	0.0000
Nebenniere	0.0000
Niere	0.0000
Placenta	0.0000
Prostata	0.0000
Sinnesorgane	0.0000

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN %Haeufigkeit
Brust	0.0000
Brust_t	0.0000
Dickdarm_t	0.0000
Eierstock_n	0.0000
Eierstock_t	0.0000
Endokrines_Gewebe	0.0000
Foetal	0.0058
Gastrointestinal	0.0000
Haematopoetisch	0.0000
Haut-Muskel	0.0097
Hoden_n	0.0000
Hoden_t	0.0000
Lunge_n	0.0098
Lunge_t	0.0000
Nerven	0.0040
Niere_t	0.0000
Ovar_Uterus	0.0180
Prostata_n	0.0485
Sinnesorgane	0.0000
Weisse_Blutkoerperchen	0.0000

Elektronischer Northern fuer Seq-ID: 241

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
B_Lymphom	0.0000	0.0000	undef	undef
Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
Brust	0.0070	0.0098	0.7157	1.3973
Dickdarm	0.0000	0.0000	undef	undef
Duenndarm	0.0000	0.0320	0.0000	undef
Eierstock	0.0030	0.0024	1.2443	0.8036
Endokrines_Gewebe	0.0032	0.0000	undef	0.0000
Gehirn	0.0012	0.0199	0.0580	17.2337
Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
Herz	0.0061	0.0000	undef	0.0000
Hoden	0.0080	0.0000	undef	0.0000
Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef
Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0064	0.0000	undef
Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
Niere	0.0045	0.0000	undef	0.0000
Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
Prostata	0.0085	0.0052	1.6279	0.6143
T_Lymphom	0.0000	0.0000	undef	undef
Uterus	0.0103	0.0000	undef	0.0000
Weisse_Blutkoerperchen	0.0000	0.0000	undef	undef
Haematopoetisch	0.0000			
Penis	0.0107			
Samenblase	0.0000			
Sinnesorgane	0.0000			

	FOETUS
	%Haeufigkeit
Entwicklung	0.0000
Gastrointenstinal	0.0028
Gehirn	0.0000
Haematopoetisch	0.0000
Haut	0.0000
Hepatisch	0.0000
Herz-Blutgefaesse	0.0036
Lunge	0.0036
Nebenniere	0.0000
Niere	0.0000
Placenta	0.0000
Prostata	0.0000
Sinnesorgane	0.0000

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
	%Haeufigkeit
Brust	0.0136
Brust_t	0.0000
Dickdarm_t	0.0000
Eierstock_n	0.0000
Eierstock_t	0.0152
Endokrines_Gewebe	0.0000
Foetal	0.0029
Gastrointestinal	0.0122
Haematopoetisch	0.0000
Haut-Muskel	0.0000
Hoden_n	0.0000
Hoden_t	0.0000
Lunge_n	0.0000
Lunge_t	0.0000
Nerven	0.0040
Niere_t	0.0000
Ovar_Uterus	0.0180
Prostata_n	0.0000
Sinnesorgane	0.0000
Weisse_Blutkoerperchen	0.0000

Elektronischer Northern fuer Seq-ID: 242

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
B_Lymphom	0.0000	0.0000	undef	undef
Blase	0.0000	0.0047	0.0000	undef
Brust	0.0018	0.0028	0.6262	1.5969
Dickdarm	0.0057	0.0028	2.0184	0.4955
Duenndarm	0.0000	0.0000	undef	undef
Eierstock	0.0030	0.0000	undef	0.0000
Endokrines_Gewebe	0.0048	0.0035	1.3580	0.7364
Gehirn	0.0000	0.0000	undef	undef
Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
Herz	0.0030	0.0000	undef	0.0000
Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef
Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0128	0.0000	undef
Muskel-Skelett	0.0034	0.0000	undef	0.0000
Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
Prostata	0.0057	0.0026	2.1706	0.4607
T_Lymphom	0.0000	0.0000	undef	undef
Uterus	0.0030	0.0046	0.6426	1.5563
Weisse_Blutkoerperchen	0.0000	0.0000	undef	undef
Haematopoetisch	0.0000			
Penis	0.0000			
Samenblase	0.0000			
Sinnesorgane	0.0000			

	FOETUS
	%Haeufigkeit
Entwicklung	0.0000
Gastrointenstinal	0.0000
Gehirn	0.0000
Haematopoetisch	0.0000
Haut	0.0000
Hepatisch	0.0000
Herz-Blutgefaesse	0.0000
Lunge	0.0036
Nebenniere	0.0000
Niere	0.0062
Placenta	0.0000
Prostata	0.0000
Sinnesorgane	0.0126

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
	%Haeufigkeit
Brust	0.0000
Brust_t	0.0000
Dickdarm_t	0.0000
Eierstock_n	0.0000
Eierstock_t	0.0000
Endokrines_Gewebe	0.0000
Foetal	0.0000
Gastrointestinal	0.0000
Haematopoetisch	0.0000
Haut-Muskel	0.0032
Hoden_n	0.0000
Hoden_t	0.0000
Lunge_n	0.0000
Lunge_t	0.0000
Nerven	0.0030
Niere_t	0.0000
Ovar_Uterus	0.0045
Prostata_n	0.0121
Sinnesorgane	0.0000
Weisse_Blutkoerperchen	0.0000

Elektronischer Northern fuer Seq-ID: 243

	NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse N/T	T/N
B_Lymphom	0.0000	0.0000	undef	undef
Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
Brust	0.0026	0.0014	1.8786	0.5323
Dickdarm	0.0038	0.0000	undef	0.0000
Duenndarm	0.0000	0.0000	undef	undef
Eierstock	0.0059	0.0000	undef	0.0000
Endokrines_Gewebe	0.0032	0.0071	0.4527	2.2091
Gehirn	0.0012	0.0090	0.1289	7.7552
Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
Lunge	0.0029	0.0018	1.5786	0.6335
Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef
Muskel-Skelett	0.0017	0.0000	undef	0.0000
Niere	0.0022	0.0000	undef	0.0000
Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
Prostata	0.0047	0.0013	3.6176	0.2764
T_Lymphom	0.0025	0.0000	undef	0.0000
Uterus	0.0030	0.0092	0.3213	3.1125
Weisse_Blutkoerperchen	0.0021	0.0000	undef	0.0000
Haematopoetisch	0.0000			
Penis	0.0000			
Samenblase	0.0000			
Sinnesorgane	0.0000			

	FOETUS %Haeufigkeit
Entwicklung	0.0000
Gastrointenstinal	0.0000
Gehirn	0.0125
Haematopoetisch	0.0039
Haut	0.0000
Hepatisch	0.0000
Herz-Blutgefaesse	0.0000
Lunge	0.0072
Nebenniere	0.0000
Niere	0.0000
Placenta	0.0000
Prostata	0.0000
Sinnesorgane	0.0251

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN %Haeufigkeit
Brust	0.0000
Brust_t	0.0000
Dickdarm_t	0.0000
Eierstock_n	0.0000
Eierstock_t	0.0000
Endokrines_Gewebe	0.0000
Foetal	0.0041
Gastrointestinal	0.0000
Haematopoetisch	0.0000
Haut-Muskel	0.0032
Hoden_n	0.0084
Hoden_t	0.0000
Lunge_n	0.0000
Lunge_t	0.0000
Nerven	0.0020
Niere_t	0.0000
Ovar_Uterus	0.0180
Prostata_n	0.0121
Sinnesorgane	0.0000
Weisse_Blutkoerperchen	0.0000

Elektronischer Northern fuer Seq-ID: 244

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
B_Lymphom	0.0025	0.0000	undef	0.0000
Blase	0.0117	0.0117	0.9957	1.0043
Brust	0.0097	0.0070	1.3777	0.7259
Dickdarm	0.0077	0.0000	undef	0.0000
Duenndarm	0.0165	0.0000	undef	0.0000
Eierstock	0.0000	0.0048	0.0000	undef
Endokrines_Gewebe	0.0080	0.0071	1.1317	0.8836
Gehirn	0.0075	0.0080	0.9429	1.0605
Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
Hepatisch	0.0046	0.0063	0.7324	1.3653
Herz	0.0071	0.0000	undef	0.0000
Hoden	0.0120	0.0059	2.0357	0.4912
Lunge	0.0049	0.0000	undef	0.0000
Magen-Speiseroehre	0.0072	0.0000	undef	0.0000
Muskel-Skelett	0.0171	0.0111	1.5463	0.6467
Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
Pankreas	0.0050	0.0166	0.2992	3.3427
Prostata	0.0198	0.0078	2.5323	0.3949
T_Lymphom	0.0051	0.0149	0.3381	2.9576
Uterus	0.0163	0.0046	3.5341	0.2830
Weisse_Blutkoerperchen	0.0123	0.0000	undef	0.0000
Haematopoetisch	0.0053			
Penis	0.0054			
Samenblase	0.0141			
Sinnesorgane	0.0000			

	FOETUS
	%Haeufigkeit
Entwicklung	0.0139
Gastrointenstinal	0.0111
Gehirn	0.0000
Haematopoetisch	0.0000
Haut	0.0000
Hepatisch	0.0000
Herz-Blutgefaesse	0.0107
Lunge	0.0145
Nebenniere	0.0000
Niere	0.0062
Placenta	0.0061
Prostata	0.0000
Sinnesorgane	0.0000

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
	%Haeufigkeit
Brust	0.0272
Brust_t	0.0000
Dickdarm_t	0.0000
Eierstock_n	0.0000
Eierstock_t	0.0000
Endokrines_Gewebe	0.0245
Foetal	0.0081
Gastrointestinal	0.0244
Haematopoetisch	0.0000
Haut-Muskel	0.0259
Hoden_n	0.0084
Hoden_t	0.0000
Lunge_n	0.0000
Lunge_t	0.0000
Nerven	0.0020
Niere_t	0.0000
Ovar_Uterus	0.0090
Prostata_n	0.0000
Sinnesorgane	0.0000
Weisse_Blutkoerperchen	0.0000

Elektronischer Northern fuer Seq-ID: 245

	NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse N/T	T/N
B_Lymphom	0.0000	0.0000	undef	undef
Blase	0.0117	0.0117	0.9957	1.0043
Brust	0.0132	0.0084	1.5655	0.6388
Dickdarm	0.0134	0.0028	4.7095	0.2123
Duenndarm	0.0027	0.0107	0.2577	3.8812
Eierstock	0.0030	0.0072	0.4148	2.4109
Endokrines_Gewebe	0.0032	0.0106	0.3018	3.3136
Gehirn	0.0156	0.0070	2.2381	0.4468
Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
Hepatisch	0.0093	0.0000	undef	0.0000
Herz	0.0122	0.0000	undef	0.0000
Hoden	0.0080	0.0000	undef	0.0000
Lunge	0.0117	0.0037	3.1573	0.3167
Magen-Speiseroehre	0.0145	0.0000	undef	0.0000
Muskel-Skelett	0.0120	0.0000	undef	0.0000
Niere	0.0045	0.0048	0.9285	1.0770
Pankreas	0.0033	0.0110	0.2992	3.3427
Prostata	0.0207	0.0000	undef	0.0000
T_Lymphom	0.0025	0.0075	0.3381	2.9576
Uterus	0.0089	0.0138	0.6426	1.5563
Weisse_Blutkoerperchen	0.0055	0.0607	0.0902	11.0896
Haematopoetisch	0.0000			
Penis	0.0134			
Samenblase	0.0000			
Sinnesorgane	0.0235			

	FOETUS %Haeufigkeit
Entwicklung	0.0000
Gastrointenstinal	0.0111
Gehirn	0.0000
Haematopoetisch	0.0039
Haut	0.0000
Hepatisch	0.0000
Herz-Blutgefaesse	0.0142
Lunge	0.0145
Nebenniere	0.0000
Niere	0.0000
Placenta	0.0061
Prostata	0.0000
Sinnesorgane	0.0126

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN %Haeufigkeit
Brust	0.0136
Brust_t	0.0000
Dickdarm_t	0.0000
Eierstock_n	0.0000
Eierstock_t	0.0101
Endokrines_Gewebe	0.0000
Foetal	0.0098
Gastrointestinal	0.0122
Haematopoetisch	0.0000
Haut-Muskel	0.0032
Hoden_n	0.0084
Hoden_t	0.0000
Lunge_n	0.0098
Lunge_t	0.0000
Nerven	0.0080
Niere_t	0.0000
Ovar_Uterus	0.0135
Prostata_n	0.0061
Sinnesorgane	0.0387
Weisse_Blutkoerperchen	0.0000

Elektronischer Northern fuer Seq-ID: 246

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
B_Lymphom	0.0000	0.0000	undef	undef
Blase	0.0000	0.0141	0.0000	undef
Brust	0.0000	0.0042	0.0000	undef
Dickdarm	0.0115	0.0028	4.0367	0.2477
Duenndarm	0.0082	0.0000	undef	0.0000
Eierstock	0.0000	0.0024	0.0000	undef
Endokrines_Gewebe	0.0048	0.0053	0.9054	1.1045
Gehirn	0.0064	0.0030	2.1276	0.4700
Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
Hepatisch	0.0046	0.0000	undef	0.0000
Herz	0.0051	0.0000	undef	0.0000
Hoden	0.0161	0.0059	2.7142	0.3684
Lunge	0.0058	0.0074	0.7893	1.2669
Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef
Muskel-Skelett	0.0051	0.0037	1.3917	0.7186
Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
Pankreas	0.0017	0.0055	0.2992	3.3427
Prostata	0.0057	0.0026	2.1706	0.4607
T_Lymphom	0.0000	0.0000	undef	undef
Uterus	0.0044	0.0000	undef	0.0000
Weisse_Blutkoerperchen	0.0014	0.0000	undef	0.0000
Haematopoetisch	0.0000			
Penis	0.0107			
Samenblase	0.0000			
Sinnesorgane	0.0000			

	FOETUS
	%Haeufigkeit
Entwicklung	0.0000
Gastrointenstinal	0.0028
Gehirn	0.0188
Haematopoetisch	0.0000
Haut	0.0000
Hepatisch	0.0000
Herz-Blutgefaesse	0.0036
Lunge	0.0036
Nebenniere	0.0000
Niere	0.0000
Placenta	0.0061
Prostata	0.0000
Sinnesorgane	0.0000

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
	%Haeufigkeit
Brust	0.0136
Brust_t	0.0000
Dickdarm_t	0.0000
Eierstock_n	0.0000
Eierstock_t	0.0000
Endokrines_Gewebe	0.0000
Foetal	0.0000
Gastrointestinal	0.0122
Haematopoetisch	0.0000
Haut-Muskel	0.0000
Hoden_n	0.0000
Hoden_t	0.0000
Lunge_n	0.0195
Lunge_t	0.0000
Nerven	0.0050
Niere_t	0.0000
Ovar_Uterus	0.0068
Prostata_n	0.0182
Sinnesorgane	0.0000
Weisse_Blutkoerperchen	0.0000

Elektronischer Northern fuer Seq-ID: 247

	NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse N/T	T/N
B_Lymphom	0.0025	0.0136	0.1840	5.4361
Blase	0.0039	0.0023	1.6595	0.6026
Brust	0.0106	0.0056	1.8786	0.5323
Dickdarm	0.0096	0.0142	0.6728	1.4864
Duenndarm	0.0027	0.0000	undef	0.0000
Eierstock	0.0030	0.0048	0.6222	1.6073
Endokrines_Gewebe	0.0016	0.0231	0.0696	14.3590
Gehirn	0.0139	0.0040	3.4816	0.2872
Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
Hepatisch	0.0093	0.0127	0.7324	1.3653
Herz	0.0081	0.0275	0.2954	3.3858
Hoden	0.0000	0.0118	0.0000	undef
Lunge	0.0078	0.0092	0.8419	1.1877
Magen-Speiseroehre	0.0072	0.0128	0.5668	1.7644
Muskel-Skelett	0.0034	0.0000	undef	0.0000
Niere	0.0112	0.0145	0.7737	1.2924
Pankreas	0.0066	0.0000	undef	0.0000
Prostata	0.0113	0.0065	1.7364	0.5759
T_Lymphom	0.0152	0.0224	0.6762	1.4788
Uterus	0.0059	0.0000	undef	0.0000
Weisse_Blutkoerperchen	0.0096	0.0607	0.1578	6.3369
Haematopoetisch	0.0094			
Penis	0.0054			
Samenblase	0.0000			
Sinnesorgane	0.0000			

	FOETUS %Haeufigkeit
Entwicklung	0.0000
Gastrointenstinal	0.0028
Gehirn	0.0000
Haematopoetisch	0.0000
Haut	0.0000
Hepatisch	0.0260
Herz-Blutgefaesse	0.0071
Lunge	0.0036
Nebenniere	0.0254
Niere	0.0371
Placenta	0.0061
Prostata	0.0249
Sinnesorgane	0.0126

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN %Haeufigkeit
Brust	0.0068
Brust_t	0.0000
Dickdarm_t	0.0000
Eierstock_n	0.0000
Eierstock_t	0.0101
Endokrines_Gewebe	0.0000
Foetal	0.0156
Gastrointestinal	0.0244
Haematopoetisch	0.0000
Haut-Muskel	0.0194
Hoden_n	0.0042
Hoden_t	0.0000
Lunge_n	0.0195
Lunge_t	0.0000
Nerven	0.0181
Niere_t	0.0000
Ovar_Uterus	0.0180
Prostata_n	0.0121
Sinnesorgane	0.0232
Weisse_Blutkoerperchen	0.0000

2.2 Fisher-Test

Um zu entscheiden, ob eine Partial-Sequenz *S* eines Gens in einer Bibliothek für Normal-Gewebe signifikant häufiger oder seltener vorkommt als in einer Bibliothek für entartetes Gewebe, wird Fishers Exakter Test, ein statistisches Standardverfahren (Hays, W. L., (1991) Statistics, Harcourt Brace College Publishers, Fort Worth), durchgeführt.
Die Null-Hypothese lautet: die beiden Bibliotheken können bezüglich der Häufigkeit zu *S* homologer Sequenzen nicht unterschieden werden. Falls die Null-Hypothese mit hinreichend hoher Sicherheit abgelehnt werden kann, wird das zu *S* gehörende Gen als interessanter Kandidat für ein Krebs-Gen akzeptiert, und es wird im nächsten Schritt versucht, eine Verlängerung seiner Sequenz zu erreichen.

Beispiel 3

Automatische Verlängerung der Partial-Sequenz

Die automatische Verlängerung der Partial-Sequenz *S* vollzieht sich in drei Schritten:

1. Ermittlung aller zu *S* homologen Sequenzen aus der Gesamtmenge der zur Verfügung stehenden Sequenzen mit Hilfe von BLAST

2. Assemblierung dieser Sequenzen mittels des Standardprogramms GAP4 (Bonfield, J. K., Smith, K. F., und Staden R. (1995), Nucleic Acids Research **23** 4992-4999) (Contig-Bildung).

3. Berechnung einer Konsens-Sequenz *C* aus den assemblierten Sequenzen

Die Konsens-Sequenz *C* wird im allgemeinen länger sein als die Ausgangssequenz *S*. Ihr elektronischer Northern-Blot wird demzufolge von dem für *S* abweichen. Ein erneuter Fisher-Test entscheidet, ob die Alternativ-Hypothese der Abweichung von einer gleichmäßigen Expression in beiden Bibliotheken aufrechterhalten werden kann. Ist dies der Fall, wird versucht, *C* in gleicher Weise wie *S* zu verlängern. Diese Iteration wird mit der jeweils erhaltenen Konsensus-Sequenzen C_i (*i*: Index der Iteration) fortgesetzt, bis die Alternativ-Hypothese verworfen wird (if H_0 Exit; Abbruchkriterium I) oder bis keine automatische Verlängerung mehr möglich ist (while $C_i > C_{i-1}$; Abbruchkriterium II).

Im Fall des Abbruchkriteriums II bekommt man mit der nach der letzten Iteration vorliegenden Konsens-Sequenz eine komplette oder annähernd komplette Sequenz eines Gens, das mit hoher statistischer Sicherheit mit Krebs in Zusammenhang gebracht werden kann.

Analog der oben beschriebenen Beispiele konnten die in der Tabelle I beschriebenen Nukleinsäure-Sequenzen aus Prostatatumor-Gewebe gefunden werden.

Ferner konnten zu den einzelnen Nukleinsäure-Sequenzen die Peptidsequenzen (ORF's) bestimmt werden, die in der Tabelle II aufgelistet sind, wobei wenigen Nukleinsäure-Sequenzen kein Peptid zugeordnet werden kann und einigen Nukleinsäure-Sequenzen mehr als ein Peptid zugeordnet werden kann. Wie bereits oben erwähnt, sind sowohl die ermittelten Nukleinsäure-Sequenzen, als auch die den Nukleinsäure-Sequenzen zugeordneten Peptid-Sequenzen Gegenstand der vorliegenden Erfindung.

Beispiel 4

Kartierung der Nukleinsäure-Sequenzen auf dem humanen Genom

Die Kartierung der humanen Gene erfolgte unter Verwendung des Stanford G3 Hybrid-Panels (Stewart et al., 1997), der von Research Genetics, Huntsville, Alabama vertrieben wird. Dieses Panel besteht aus 83 verschiedenen genomischen DNAs von Mensch-Hamster Hybridzellinien und erlaubt eine Auflösung von 500 Kilobasen. Die Hybridzellinien wurden durch Fusion von bestrahlten diploiden menschlichen Zellen mit Zellen des Chinesischen Hamsters gewonnen. Das Rückhaltemuster der humanen Chromosomenfragmente wird mittels genspezifischer Primer in einer Polymerase-Kettenreaktion bestimmt und mit Hilfe der vom Stanford RH Server verfügbaren Software analysiert (http://www.stanford.edu/RH/rhserver_ form2.html). Dieses Programm bestimmt den STS-Marker, der am nächsten zum gesuchten Gen liegt. Die entsprechende zytogenetische Bande wurde unter Verwendung des "Mapview" - Programms der Genome Database (GDB), (http://gdbwww.dkfz-heidelberg.de) bestimmt.
Neben dem kartieren von Genen auf dem menschlichen Cromosomensatz durch verschiedene experimentelle Methoden ist es möglich die Lage von Genen auf diesem durch bioinformatische Methoden zu bestimmen. Dazu wurde das bekannte Programm e-PCR eingesetzt (Schuler GD (1998) Electronic PCR: bridging the gap between genome mapping and genome sequencing. Trends Biotechnol 16; 456-459, Schuler GD (1997). Sequence mapping by electronic PCR. Genome Res 7; 541-550). Die dabei eingesetzte Datenbank entspricht nicht mehr der in der Literatur angegebenen, sonder ist eine Weiterentwicklung, welche Daten der öffentlichen Datenbank RHdb (http://www.ebi.ac.uk/RHdb/index.html) einschließt. Analog zu der Kartierung durch die Hybrid-Panels erfolgte eine Auswertung der Ergebnisse mit der obengenannten Software und der Software des Whitehead-Institutes (http://carbon.wi.mit.edu:8000/cgi-bin/contig/rhmapper.pl).

Beispiel 5

Gewinnung von genomischen DNA-Sequenzen (BAC-Klone)

Die die entsprechenden cDNA enthaltenen genomischen BAC-Klone (http://www.tree.caltech.edu/; Shizuya, H., B. Birren, U-J. Kim, V. Mancino, T. Slepak, Y. Tachiiri, M. Simon (1992) Proc. Natl. Acad. Sci., USA 89: 8794-8797) wurden mit der Prozedur des "down-to-the-well" isoliert. Bei dieser Prozedur wird eine Bibliothek bestehend aus BAC-Klonen (die Bibliothek überdeckt ca. 3 x das humane Genom) in ein bestimmtes Raster gebracht, so daß die DNA dieser Klone mit einer spezifischen PCR untersucht werden kann. Dabei erfolgt ein "Poolen" der DNA verschiedener BAC-Klone. Durch eine kombinatorische Analyse ist es möglich die Klone zu bestimmen, die die gesuchte DNA enthalten. Durch das Festlegen der Klone kann die Adresse der Klone in der Bibliothek bestimmt werden. Diese Adresse zusammen mit dem Namen der verwendeten Bibliothek legen die Klone und damit die DNA-Sequenz dieser Klone eindeutig fest.
Die nachfolgenden Beispiele erläutern die erfolgreiche Isolierung der genomischen BAC-Klone ohne, diese darauf zu beschränken.
Die verwendete Bibliotheken waren CITB B und CITB C:

Seq. ID Nr.	Identifizierte BACs		
3	320-L-23		
4	461-O-11		
8	283-P-15	322-B-7	317-H-19
24	272-N-9	340-L-19	554-D-3
31	293-K-21	337-I-17	363-J-15
46	410-A-9		
47	268-B-2	532-B-10	

Tabelle1

Seq ID	Expression	Funktion	Module	Cytogenetische Lokalisation	Nächster Marker	Länge des Ausgangs-EST in Basen	Länge der beanspruchten Sequenz in Basen	Seq ID der Ausgangsse-quenz
2	im normalen Prostatagewebe erhöht	ZYXIN 2	LIM	7q33-7q35	D7S661	202	1437	
3	in gesundem Prostata- und Brustgewebe erhöht	Unbekannt		17p13.3	D17S2199-D17S1548	207	707	
4	im normalen Prostatagewebe erhöht	PCCMT		1p36.31	D1S2145-D1S2132	215	1265	
6	im normalen Prostatagewebe erhöht	Unbekannt	UBIQUITIN_CON-JUGAT_2	1q21.2	D1S3384-D1S305	225	1330	
7	im normalen Prostatagewebe erhöht	Unbekannt		11q11-q13.1	D11S4205-D11S4535	231	762	
8	im normalen Prostatagewebe erhöht	Humanes Homolog des TEGT-Proteins aus der Ratte		10q23.1	D10S551-D10S532	246	1228	
9	im normalen Blasen- und Prostatagewebe erhöht	SRP20	rrm	6p21.2	NIB1566-WI-4186	243	914	
10	4x stärker als im normalen Prostatagewebe	Muf1		1p33-p32.3	D1S1558-D1S232	315	1126	
12	im normalen Prostatagewebe erhöht	Unbekannt		7p21.3-7p14.1	D7S2363	219	538	
13	im normalen Prostatagewebe erhöht	Unbekannt		22q12.1 - 22q13.1	D22S1144	210	321	
14	ausschließlich in der normalen Prostata	E4BP4	B_ZIP	9q22.1-q22.2	D9S787	217	847	
16	stärker im normalen Brust- und Prostatagewebe als im entsprechenden Tumor	HUMANer PHOSPHOLEMMAN PRECURSOR		19q13.1		210	573	
17	verstärkt in der normalen Prostata, verglichen mit dem entsprechenden Tumorgewebe	Mögliches Humans Homolog zu S1R		12q13.13 - 12q14.1	D12S1700-D12S1601	244	486	

Seq ID	Expression	Funktion	Module	Cytogenetische Lokalisation	Nächster Marker	Länge des Ausgangs-EST in Basen	Länge der beanspruchten Sequenz in Basen	Seq ID der Ausgangsse-quenz
18	ca. 6x stärker in der normalen Prostata, verglichen mit dem entsprechenden Tumorgewebe	Unbekannt		10q23.32 - 10q24.31	D10S551-D10S532	215	662	
19	ca. 2x stärker im normalen Prostata-gewebe als im entsprechenden Tumorgewebe	Unbekannt		2q35	D2S433-D2S295	225	750	
21	ca. 3x stärker im normalen Prostatagewebe als im entsprechenden Tumorgewebe, ca. 7x häufiger in Brust- und Lungentumoren als in entsprechen-den Normalgeweben	Homolog zu JANUS-A aus Drosophila melanogaster		9q34.13	D9S158-D9S2053	229	1001	
23	stärker im normalen Prostatagewebe als im ensprechenden Tumorgewebe	Unbekannt		1p36.13-p32.3	SGC32968	184	580	
24	5x stärker im normalen Prostatagewebe als im ensprechenden Tumorgewebe, stark exprimiert in Hauttumoren	EIF-6		20q11.1-q11.22		237	740	

Seq ID	Expression	Funktion	Module	Cytogenetische Lokalisation	Nächster Marker	Länge des Ausgangs-EST in Basen	Länge der beanspruchten Sequenz in Basen	Seq ID der Ausgangsse-quenz
26	stärker im normalen Prostatagewebe als im ensprechenden Tumorgewebe	Homolog zu HUMANem SORCIN		1p36.11-p34.3	D1S233-D1S2548	219	975	
27	stärker im normalen Prostatagewebe als im ensprechenden Tumorgewebe	Unbekannt		9p21.1-9q12	SHGC-7278-SHGC-33912	259	854	
28	ca. 3x stärker im normalen Prostatagewebe als im entsprechenden Tumorgewebe	Unbekannt		11q12.1 - 11q13.5	SHGC-15247-NIB715	288	802	
29	stärker im normalen Prostatagewebe als im ensprechenden Tumorgewebe	IL-6SAG		20p11.23-p11.21	D20S807-SHGC-11944	224	807	
30	ca. 4x stärker im normalen Prostatagewebe als im entsprechenden Tumorgewebe	Unbekannt		Xp11.23-p11.21	WI-5587-WI-5717	276	777	
31	stärker im normalen Prostatagewebe als im ensprechenden Tumorgewebe	Unbekannt				238	501	
32	stärker im normalen Prostatagewebe als im ensprechenden Tumorgewebe, 10x erhöht in Muskel- und Skelettumoren	Unbekannt		3p21.1 - 3p22.2	WI-9590-WI-3521	284	1104	

Seq ID	Expression	Funktion	Module	Cytogenetische Lokalisation	Nächster Marker	Länge des Ausgangs-EST in Basen	Länge der beanspruchten Sequenz in Basen	Seq ID der Ausgangsse-quenz
33	in normalem Prostatagewebe erhöht	Humanes Homolog des WW-domain binding protein 1 aus der Maus		2p13.1	D2S145-SHGC-37085	208	810	
35	in normalem Prostatagewebe und in gastrointestinalen Tumoren erhöht	Unbekannt		3p23-p21.1	SHGC-32684-D3S4150	223	826	
36	in normalem Prostatagewebe erhöht	Id1	HLH	20p11.22 - 20q11.21	WI-1163	254	578	
37	in normalem Prostatagewebe erhöht	Unbekannt		8p12	SHGC-5722-SHGC-5765	293	799	
39	in Prostatatumoren erhöht	C1 inhibitor	serpin	11p13-11q13.1	SHGC-30227-D11S1983	262	1743	
41	stärker in normalem Prostatagewebe als im entsprechenden Tumorgewebe	Acyl-protein thioesterase		6p21.31-q21.2	D6S1868-D6S1867	267	1183	
42	stärker in normalem Prostatagewebe als im entsprechenden Tumorgewebe	Unbekannt		16q12.1-22.1	SHGC-6119-SHGC-15371	270	768	
43	ca. 6x stärker in normalem Prostata-gewebe als im entsprechenden Tumorgewebe	Unbekannt		17q11.2-q21.31	SHGC-30259-SHGC-13493	279	1029	

Seq ID	Expression	Funktion	Module	Cytogenetische Lokalisation	Nächster Marker	Länge des Ausgangs-EST in Basen	Länge der beanspruchten Sequenz in Basen	Seq ID der Ausgangsse-quenz
44	ca. 3x stärker in normalem Prostata-gewebe als im entsprechenden Tumorgewebe, ca. 8x häufiger im Gehirntumor als im vergleichbaren Normalgewebe	Unbekannt		16q23.1-q24.2	SHGC-32665-SHGC-11833	237	736	
46	in normalem Prostatagewebe erhöht	Unbekannt		19p13.3	IB1264-WI-6480	259	1159	
47	in normalem prostataischen, hepatischen und ovarial Gewebe erhöht	Unbekannt		6q13-q21		159	690	
51	in normalem Prostatagewebe und in haematopoe-tischen Tumoren erhöht	Unbekannt		1p36.11	D1S3131-D1S2674	250	1186	
52	in normalem Prostatagewebe und in Gehirntumoren erhöht	SPARC	kazal	5q21.1-q33.2	WI-7565-WI-6351	261	1029	
53	in normalem Prostatagewebe erhöht	Unbekannt		15q23-24.1	D15S1241-D15S197	261	985	
54	in normalem Prostatagewebe und in Skelettumoren erhöht	Unbekannt		4p14	D4S405-SHGC-9448	246	622	
55	in normalem Prostatagewebe und hepatischen Tumoren erhöht	B4-2		6q16.2	D6S1644-D6S2057	239	1129	

Seq ID	Expression	Funktion	Module	Cytogenetische Lokalisation	Nächster Marker	Länge des Ausgangs-EST in Basen	Länge der beanspruchten Sequenz in Basen	Seq ID der Ausgangsse-quenz
58	ca. 3x stärker in normalem Prostatagewebe als im entsprechenden Tumorgewebe	Unbekannt		1q12	SHGC-32015-D1S442	160	877	
59	ca. 5x stärker in normalem Prostatagewebe als im entsprechenden Tumorgewebe	Methyl-CpG bindendes Protein MBD2		18q21.32-18q21.32		288	1329	
60	stärker in normalem Prostatagewebe als im entsprechenden Tumorgewebe	Unbekannt		11q21-11q23.2		310	697	
61	in normalem Prostatagewebe und in endokrinen Tumoren erhöht	Unbekannt		17p11.2	AFMA126YD5	378	1389	
62	in normalem Prostata- und Brustgewebe erhöht	Unbekannt		4q21.21 - 4q21.23	WI-7565-WI-9200	260	535	
63	in normalem Prostata- , Blasen- und Brusttumoren erhöht	Unbekannt		16p12.3 - 16p13.11	AFMB354YF9	216	1098	
64	1.8088 x im gutartigen Prostatagewebe exprimiert	Homolog zu RanBP7		11p15.3-p15.5	D11S909-D11S4149	302	1860	
217	2.894 x im gutartigen Prostatagewebe gegenüber dem Prostatatumor exprimiert	Unbekannt	UBIQUITIN_CONJUGAT	1q21.2	D1S3384-D1S305		1880	6

Seq ID	Expression	Funktion	Module	Cytogenetische Lokalisation	Nächster Marker	Länge des Ausgangs-EST in Basen	Länge der beanspruchten Sequenz in Basen	Seq ID der Ausgangsse-quenz
218	2.1705 x im gutartigen Prostatagewebe gegenüber dem Prostatatumor exprimiert	Unbekannt		11q11-q13.1	D11S4205-D11S4535		1024	7
219	2.7494 x im gutartigen Prostatagewebe gegenüber dem Prostatatumor exprimiert	Humanes Homolog des TEGT aus der Ratte		10q23.1	D10S551-D10S532		2383	8
220	2.46 x im gutartigen Prostatagewebe gegenüber dem Prostatatumor exprimiert	TXBP151	COILS	7p21.3-7p14.1	D7S2363		3210	12
221	1.7364 x im gutartigen Prostatagewebe gegenüber dem Prostatatumor exprimiert	Mögliches Humans Homolog zu S1R		12q13.13 - 12q14.1	D12S1700-D12S1601		1030	17
222	2.8941 x im gutartigen Prostatagewebe gegenüber dem Prostatatumor exprimiert	Unbekannt		10q23.32 - 10q24.31	D10S551-D10S532		1216	18
223	0.8348 x im gutartigen Prostatagewebe gegenüber dem Prostatatumor exprimiert	Homolog zu HYA22		2q35	D2S433-D2S295		2369	19
224	1.0129 x im gutartigen Prostatagewebe gegenüber dem Prostatatumor exprimiert	Unbekannt		1p36.13-p32.3	SGC32968		849	23

Seq ID	Expression	Funktion	Module	Cytogenetische Lokalisation	Nächster Marker	Länge des Ausgangs-EST in Basen	Länge der beanspruchten Sequenz in Basen	Seq ID der Ausgangsse-quenz
225	8.6822 x im gutartigen Prostatagewebe gegenüber dem Prostatatumor exprimiert	Homolog zu HUMANem SORCIN	EF_HAND_2	1p36.11-p34.3	D1S233-D1S2548		1502	26
226	Es wurde kein ähnliche Sequenz im Prostatatumor gefunden	Unbekannt		9p21.1-9q12	SHGC-7278-SHGC-33912		1892	27
227	2.4117 x im gutartigen Prostatagewebe gegenüber dem Prostatatumor exprimiert	IL-6SAG		20p11.23-p11.21	D20S807-SHGC-11944		1522	29
228	2.1706 x im gutartigen Prostatagewebe gegenüber dem Prostatatumor exprimiert	Unbekannt		Xp11.23-p11.21	WI-5587-WI-5717		2016	30
229	Es wurde kein ähnliche Sequenz im Prostatatumor gefunden	Unbekannt					765	31
230	1.447 x im gutartigen Prostatagewebe gegenüber dem Prostatatumor exprimiert	Unbekannt		3p21.1 - 3p22.2	WI-9590-WI-3521		1611	32
231	2.6529 x im gutartigen Prostatagewebe gegenüber dem Prostatatumor exprimiert	Humanes Homolog des WW-domain binding protein 1 aus der Maus		2p13.1	D2S145-SHGC-37085		1473	33
232	3.1353 x im gutartigen Prostatagewebe gegenüber dem Prostatatumor exprimiert	Homolog zu der OLIGOSACCHARYL TRANSFERASE STT3 Untereinheit aus C. elegans		3p23-p21.1	SHGC-32684-D3S4150		2503	35

Seq ID	Expression	Funktion	Module	Cytogenetische Lokalisation	Nächster Marker	Länge des Ausgangs-EST in Basen	Länge der beanspruchten Sequenz in Basen	Seq ID der Ausgangsse-quenz
233	2.7132 x im gutartigen Prostatagewebe gegenüber dem Prostatatumor exprimiert	Unbekannt		8p12	SHGC-5722-SHGC-5765		1756	37
234	Es wurde kein ähnliche Sequenz im Prostatatumor gefunden	Acyl-protein thioesterase		6p21.31-q21.2	D6S1868-D6S1867		1286	41
235	Es wurde kein ähnliche Sequenz im Prostatatumor gefunden	Unbekannt		16q12.1-22.1	SHGC-6119-SHGC-15371		1230	42
236	2.6529 x im gutartigen Prostatagewebe gegenüber dem Prostatatumor exprimiert	Stat5b		17q11.2-q21.31	SHGC-30259-SHGC-13493		2328	43
237	3.2558 x im gutartigen Prostatagewebe gegenüber dem Prostatatumor exprimiert	Unbekannt		16q23.1-q24.2	SHGC-32665-SHGC-11833		1767	44
238	4.3411 x im gutartigen Prostatagewebe gegenüber dem Prostatatumor exprimiert	Unbekannt		19p13.3	IB1264-WI-6480		2311	46
239	3.1353 x im gutartigen Prostatagewebe gegenüber dem Prostatatumor exprimiert	SDP3	PX	6q13-q21			1772	47
240	1.447 x im gutartigen Prostatagewebe gegenüber dem Prostatatumor exprimiert	Unbekannt		1p36.11	D1S3131-D1S2674		2409	51

Seq ID	Expression	Funktion	Module	Cytogenetische Lokalisation	Nächster Marker	Länge des Ausgangs-EST in Basen	Länge der beanspruchten Sequenz in Basen	Seq ID der Ausgangsse-quenz
241	1.6279 x im gutartigen Prostatagewebe gegenüber dem Prostatatumor exprimiert	Unbekannt		15q23-24.1	D15S1241-D15S197		2594	53
242	2.1706 x im gutartigen Prostatagewebe gegenüber dem Prostatatumor exprimiert	Unbekannt		4p14	D4S405-SHGC-9448		1012	54
243	3.6176 x im gutartigen Prostatagewebe gegenüber dem Prostatatumor exprimiert	Unbekannt		1q12	SHGC-32015-D1S442		1206	58
244	2.5323 x im gutartigen Prostatagewebe gegenüber dem Prostatatumor exprimiert	Unbekannt		17p11.2	AFMA126YD5		2514	61
245	Es wurde kein ähnliche Sequenz im Prostatatumor gefunden	LIMP II	CD36	4q21.21 - 4q21.23	WI-7565-WI-9200		3903	62
246	2.1706 x im gutartigen Prostatagewebe gegenüber dem Prostatatumor exprimiert	Unbekannt		16p12.3 - 16p13.11	AFMB354YF9		1730	63
247	1.7364 x im gutartigen Prostatagewebe gegenüber dem Prostatatumor exprimiert	Homolog zu RanBP7		11p15.3-p15.5	D11S909-D11S4149		3439	64

Tabelle 2

DNA-Sequenz ID No.	ORF Sequenz ID No							
2	66							
3	67	68	69	70				
4	71							
6	73							
7	74							
8	75							
9	82							
10	83							
12	90							
14	91							
16	92							
17	93							
18	97	98	99	100	101			
19	102	103	104	105				
21	109							
23	111	112	113					
24	114							
26	116							
27	117	118	119					
28	120	121	122	123	124			
29	128							
30	129	130	131					
31	132							
32	133							
33	134	135	136	137				
35	139	140	141	142	143	144	145	146
36	147	148	149					
39	152							
41	154	155	156	157				
42	158	159	160	161				
43	162	163	164					
44	165							
46	168	169	170	171	172			
47	173							
51	183	184	185	186	187			
52	188	189	190	191	192	193		
54	194							
55	195							
58	201							
59	202	203	204	205	206			
60	207	208	209					
61	210							
62	214	215	216					
217	248							
218	249	250						
219	251							
220	252							
221	253							

DNA-Sequenz ID No.	ORF Sequenz ID No
222	254 255
223	256
224	257
225	258
226	259 260
227	261 262
228	263
229	264 265
230	266
231	267 268
232	269
233	270 271
234	272 273
235	274 275
236	276 277
237	278 279
238	280 281
239	282
240	283 284
241	285 286
242	287 288
243	289 290
244	291 292
245	293
246	294
247	295

Die erfinderischen Nukleinsäure-Sequenzen Seq. ID No 2-4, 6-10, 12-14, 16-19, 21, 23, 24, 26-33, 35-37, 39, 41-44, 46, 47, 49, 51-55, 58-64 und Seq. ID No 217-247 der ermittelten Kandidatengene und die ermittelten Aminosäure-Sequenzen Seq. ID No. 66-71, 73-75, 82, 83, 90-93, 97-105, 109, 111-114, 116-124, 128-137, 139-149, 152, 154-165, 168-173, 183-195, 214-216 und bis Seq. ID No. 248-295 werden in dem nachfolgenden Sequenzprotokoll beschrieben.

Sequenzprotokoll

(1) ALLGEMEINE INFORMATION:

(i) ANMELDER:
(A) NAME: metaGen - Gesellschaft für Genomforschung mbH
(B) STRASSE: Ihnestrasse 63
(C) STADT: Berlin
(E) LAND: Deutschland
(F) POST CODE (ZIP): D-14195
(G) TELEFON: (030)-8413 1672
(H) TELEFAX: (030)-8413 1671

(ii) TITEL DER ERFINDUNG: Menschliche Nukleinsäure-Sequenzen aus Prostatagewebe

(iii) Anzahl der Sequenzen: 216

(iv) COMPUTER READABLE FORM:
(A) MEDIUM TYPE: Floppy disk
(B) COMPUTER: IBM PC compatible
(C) OPERATING SYSTEM: PC-DOS/MS-DOS
(D) SOFTWARE: PatentIn Release #1.0, Version #1.25 (EPO)

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 2:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
(A) LÄNGE:1437 Basenpaare
(B) TYP: Nukleinsäure
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNAs

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 2:

```
CTCCTTGGAA GTCCCCTTCC AGCTCCCAGC CTCTGCCCCA GGTTCCGGCT CCGGCTCAGA   60
GCCAGACACA GTTCCATGTT CAGCCCCAGC CCCAGCCCAA GCCTCAGGTC CAACTCCATG  120
TCCAGTCCCA GACCCAGCCT GTGTCTTTGG CTAACACCCA GCCCCGAGGG CCCCCAGCCT  180
CATCTCCGGC TCCAGCCCCT AAGTTTTCTC CAGTGACTCC TAAGTTTACT CCTGTGGCTT  240
CCAAGTTCAG TCCTGGAGCC CCAGGTGGAT CTGGGTCACA ACCAAATCAA AAATTGGGGC  300
ACCCCGAAGC TCTTTCTGCT GGCACAGGCT CCCCTCAACC TCCCAGCTTC ACCTATGCCC  360
AGCAGAGGGA GAAGCCCCGA GTGCAGGAGA AGCAGCACCC CGTGCCCCCA CCGGCTCAGA  420
ACCAAAACCA GGTGCGCTCC CCTGGGGCCC CAGGGCCCCT GACTCTGAAG GAGGTGGAGG  480
AGCTGGAGCA GCTGACCCAG CAGCTAATGC AGGACATGGA GCATCCTCAG AGGCAGAATG  540
TGGCTGTCAA CGAACTCTGC GGCCGATGCC ATCAACCCCT GGCCCGGGCG CAGCAGCCGT  600
CCGCGCTCTA GGGCAGCTGT TCCACATCGC CTGCTTCACC TGCCACCAGT GTGCGCAGAG  660
CTCCAGGGCC AGCAGTTCTA CAGTCTGGAG GGGGCGCCGT ACTGCGAGGG CTGTTACACT  720
GACACCCTGG AGAAGTGTAA CACCTGCGGG GAGCCCATCA CTGACCGCAT GCTGAGGGCC  780
ACGGGCAAGG CCTATCACCC GCACTGCTTC ACCTGTGTGG TCTGCGCCCG CCCCCTGGAG  840
GGCACCTCCT TCATCGTGGA CCAGGCCAAC CGGCCCCACT GTGTCCCCGA CTACCACAAG  900
CAGTACGCCC CGAGGTGCTC CGTCTGCTCT GAGCCCATCA TGCCTGAGCC TGGCCGAGAT  960
GAGACTGTGC GAGTGGTCGC CCTGGACAAG AACTTCCACA TGAAGTGTTA CAAGTGTGAG 1020
GACTGCGGGA AGCCCCTGTC GATTGAGGCA GATGACAATG GCTGCTTCCC CCTGGACGGT 1080
CACGTGCTCT GTCGGAAGTG CCACACTGCT AGAGCCCAGA CCTGAGTGAG GACAGGCCCT 1140
CTTCAGACCG CAGTCCATGC CCCATTGTGG ACCACCCACA CTGAGACCAC CTGCCCCCAC 1200
CTCAGTTATT GTTTTGATGT CTAGCCCCTC CCATTTCCAA CCCCTCCCTA GCATCCCAGG 1260
TGCCCTGACC CAGGACCCAA CATGGTCTAG GGATGCAGGA TCCCCGCCCT GGGGTCTGGT 1320
CCTCGCCCAT CCTGCAGGGA TTGCCCACCG TCTTCCAGAC ACCCCACCTG AGGGGGGCAC 1380
AAGGTTTAGT GCTGCTGCTT TCACTGCTGC ACCCGCGCCC TCGGCCGGCC CCCCGAG    1437
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 3:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
(A) LÄNGE:707 Basenpaare
(B) TYP: Nukleinsäure
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNAs

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 3:

```
TGCGGCCCGG GCCTTAAAGC GTCCATTTCC CAGCGGCCCT CCGCTGCGAG ACCGCAGCCC   60
TTCTCTGGAG TCTCAGAGCC GCAAGACACC ACGACTCCCA GAGGACCTTG CGTCGGGCAA  120
GAAAGACTAC ACCTTCCAGA GGCCTCTGCG GCGCCGCGAC AGGAAGCGGC GGGCGAGCCG  180
AGTGTCCTTG CGCGTGGATC CGAGCGACCA TGGTGGCCCG GGTGTGGTCG CTGATGAGGT  240
TCCTCATCAA GGGAAGTGTG GCTGGGGGCG CCGTCTACCT GGTGTACGAC CAGGAGCTGC  300
TGGGGCCCAG CGACAAGAGC CAGGCAGCCC TACAGAAGGC TGGGGAGGTG GTCCCCCCCG  360
CCATGTACCA GTTCAGCCAG TACGTGTGTC AGCAGACAGG CCTGCAGATA CCCCAGCTCC  420
CAGCCCCTCC AAAGATTTAC TTTCCCATCC GTGACTCCTG GAATGCAGGC ATCATGACGG  480
TGATGTCAGC TCTGTCGGTG GCCCCCTCCA AGGCCCGCGA GTACTCCAAG GAGGGCTGGG  540
AGTATGTGAA GGCGCGCACC AAGTAGCGAG TCAGCAGGGC CGCCTGCCCC GGCCAGAACG  600
GGCAGGGCTG CCACTGACCT GAAGACTCCG GACTGGGACC CCACTCCGAG GGCAGGCCTC  660
CCGATTGCCG GCCCAATAAA GGACTTCAGA AGTGAAAAAA AAAAAAA                 707
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 4:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
(A) LÄNGE:1265 Basenpaare
(B) TYP: Nukleinsäure
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNAs

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 4:

```
CACTGGGATG GGCATACACT ACTCACAGGG TGTGTGAGAT GAGAAGAACA CGTCAANGTT   60
TTTATACTCA GATGTGGGAG CGACATCAAT GAAATCTGTA CTGTATGAAA GCTACACAAA  120
AATGGGCAGA CATTTGGTTA ATTGTGCCAG ATACCTAAAA TGTATGTTCA GAAAAGCATT  180
TTATCAACTC AGAAATATGA CTTATTTCTA GATTTCATGG CTTAATGAAT TTTTTCATTG  240
TTATATATAC CAAAGAGGCT TACGGGTTCA TTGATTGGTT TGAAAACCAG ACAGACGGCC  300
GTGAGCCACC ACGCCCAGCC AAGATGAACT CCTTAAGGAC AGGATTTGGT AAGTGATTGA  360
CTTCTTTTTA GTTCCATGAT CTTGAGATTA TTTTTAGCTT TATAAATTTA GCAGTGGCAG  420
GGCCCGTGGA GAATCAGGTT AATGAGGTAA AGGCTTTCTG GGTATTTGCT GCCAAGGCCA  480
CATCACCAAT TTTCTCGATT TAAAAAACTG TCAAGAGATT TATTTTTCCA TTGCAGGTTT  540
TAAAGTGGAG ATTCTGAAGT GGAAAATAGG TACTGTCAGA ACAAAGCTAC CTGGAAACAG  600
CATAGAGTGA AGCCTTTCGT GAGGGCTTGC AGGCCGCTGC TGAGTGGCAG TTTACAGAAG  660
AGGTCGCGGG GTGAGCCTCT TAGCAGGACA GAAAACAAGG CAGCAGCGCA CCTGCCACCC  720
```

```
CTTCACGAGC TGCTCCTTGA GCCTAAAAAG TAGGCTTTAT TCATCCCTTC TGTTCATTTA 780
CCAACCTGGG GGATTGATAC GACCGGGGAA AATGTTCCTA AACCAGGAAG CTGCGTTAGC 840
GAATCAGCTT TGGTAAGATC TCGCCAACAG CTAGCTGCTT AGGAGTACCC CCACGATACG 900
CACAGCACAC CACTGTCCCT TCACTGCACT TTCTTCCTGC CTTAGGTAGT TGGGCTTGCC 960
ACCCTAGTTT GCTTTTGTAG TGGTTTGGCA AGGTTAGAAG GCCTCGGCCC CCTCTGTCAT1020
GCTGGGAAGT GCCTACTCTC TGGGCCACTG CTGCAGAGGC CGTGGCACTT GTCATGGGTT1080
TGGAAGACCC AGCCATCTGC AGCAGAGGCA GCCTATCCCA TTGCAAGGAG AGGAACTGAA1140
CGGAGTAATT ATTCTACTCT TCTTTTTACA TAAATGGTTT AATTTAAATA ATTCAAAATT1200
TGGAATTTCC TTTCACAGAT ACTGATAATC CTTTCCAGTT CTTAAATAAA AACTGCACTT1260
GGATT                                                          1265
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 6:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
(A) LÄNGE:1330 Basenpaare
(B) TYP: Nukleinsäure
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNAs

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 6:

```
CTTGGAGAGG CTGGTGGACA TAAAGAAAGG GAATACTCTG CTATTGCAGC ATCTGAAGAG  60
GATCATCTCC GACCTGTGTA AACTCTATAA CCTCCCTCAG CATCCAGATG TGGAGATGCT 120
GGATCAACCC TTGCCAGCAG AGCAGTGCAC ACAGGAAGAC GTGTCTTCAG AAGATGAAGA 180
TGAGGAGATG CCTGAGGACA CAGAAGACTT AGATCACTAT GAAATGAAAG AGGAAGAGCC 240
AGCTGAGGGC AAGAAATCTG AAGATGATGG CATTGGAAAA GAAAACTTGG CCATCCTAGA 300
GAAAATTAAA AAGAACCAGA GGCAAGATTA CTTAAATGGT GCAGTGTCTG GCTCGGTGCA 360
GGCCACTGAC CGGCTGATGA AGGAGCTCAG GGATATATAC CGATCACAGA GTTTCAAAGG 420
CGGAAACTAT GCAGTCGAAC TCGTGAATGA CAGTCTGTAT GATTGGAATG TCAAACTCCT 480
CAAAGTTGAC CAGGACAGCG CTTTGCACAA CGATCTCCAG ATCCTCAAAG AGAAAGAAGG 540
AGCCGACTTC ATTCTACTTA ACTTTTCCTT TAAAGATAAC TTTCCCTTTG ACCCACCATT 600
TGTCAGGGTT GTGTCTCCAG TCCTCTCTGG AGGGTATGTT CTGGGCGGAG GGGCCATCTG 660
CATGGAACTT CTCACCAAAC AGGGCTGGAG CAGTGCCTAC TCCATAGAGT CAGTGATCAT 720
GCAGATCAGT GCCACACTGG TGAAGGGGAA AGCACGAGTG CAGTTTGGAG CCAACAAATC 780
TCAATACAGT CTGACAAGAG CACAGCAGTC CTACAAGTCC TTGGTGCAGA TCCACGAAAA 840
AAACGGCTGG TACACACCCC CAAAAGAAGA CGGCTAACCC TGGAGTATCA CCCTTCCTCC 900
CTCCCCAGGC ACCACTGGAC CAATTACCTT TGAATGCTGT ATTTGGATCT CACGCTGCCT 960
CTGTGGTTCC CTCCCTCATT TTTCCTGGAC GTGATAGCTC TGCCTATTGC AGGACAATGA1020
```

```
TGGCTATTCT AAACGCTAAG GAAAAAAAAC AAACACAGAA CTGTTTCAAG TACTCAAGAC1080
TGACTTACAG ACCAACCAAC CACCTTGCTG GAACCCTTGC TAGCAGGCAT TCTTATAAAA1140
GAAACTTTCG AGCCTCCTTA TATTGCTGGA AACTCAGCTG TGCTCCAGAC TAGAGCCTCC1200
TTACCTATGC TATGGATTTT TAATTTATTT TCTCTTATTT CATGTACACT GCTTTTTTTG1260
GTTACAGTGT ATGATGGATG TGTATGAAAA AAATGTATCT TTGGGAAAAC AATTACAGTT1320
TGTTAATTTG                                                       1330
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 7:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
(A) LÄNGE:762 Basenpaare
(B) TYP: Nukleinsäure
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNAs

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 7:

```
GCGGTCGGTA GTGCGGCGCT GTTTAAAGAT GGCGGCGGAG GAACCTCAGC AGCAGAAGCA   60
GGAGCCGCTG GGCAGCGACT CCGAAGGTGT TAACTGTCTG GCCTATGATG AAGCCATCAT  120
GGCTCAGCAG GACCGAATTC AGCAAGAGAT TGCTGTGCAG AACCCTCTGG TGTCAGAGCG  180
GCTGGAGCTC TCGGTCCTAT ACAAGGAGTA TGCTGAAGAT GACAACATCT ATCAACAGAA  240
GATCAAGGAC CTCCACAAAA AGTACTCGTA CATCCGCAAG ACCAGGCCTG ACGGCAACTG  300
TTTCTATCGG GCTTTCGGAT TCTCCCACTT GGAGGCACTG CTGGATGACA GCAAGGAGTT  360
GCAGCGGTTC AAGGCTGTGT CTGCCAAGAG CAAGGAAGAC CTGGTGTCCC AGGGCTTCAC  420
TGAATTCACA ATTGAGGATT TCCACAACAC GTTCATGGAC CTGATTGAGC AGGTGGAGAA  480
GCAGACCTCT GTCGCCGACC TGCTGGCCTC CTTCAATGAC CAGAGCACCT CCGACTACCT  540
TGTGGTCTAC CTGCGGCTGC TCACCTCGGG CTACCTGCAG CGCGAGAGCA AGTTCTTCGA  600
GCACTTCATC GAGGGTGGAC GGACTGTCAA GGAGTTCTGC CAGCAGGAGG TGGAGCCCAT  660
GTGCAAGGAG AGCGACCACA TCCACATCAT TGCGCTGGCC CAGGCCCTCA GCGTGTCCAT  720
CCAGGTGGAG TACATGGACC GCGGCGAGGG CGGCACCACC AA                      762
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 8:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
(A) LÄNGE:1228 Basenpaare
(B) TYP: Nukleinsäure
(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNAs

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 8:

```
GAAAAGTTTC TGAACATGGG TGCACCCCTG GGAGTGGGCC TGGGTCTCGT CTTTGTGTCC  60
TCCATTGGGA TCTATGTTTC TTCCACCTAC CCACCCGTGG CTGGGGCCAC TCTTTACTCA 120
GTGGCAATGT ACGGTGGATT AGTTCTTTTC AGCATGTTCC TTCTGTATGA TACCCAGAAA 180
GTAATCAAGC GTGCAGAAGT ATCACCAATG TATGGAGTTC AAAAATATGA TCCCATTAAC 240
TCGATGCTGA GTATCTACAT GGATACATTA AATATATTTA TGCGAGTTGC AACTATGCTG 300
GCAACTGGAG GCAACAGAAA GAAATGAAGT GACTCAGCTT CTGGCTTCTC TGCTACATCA 360
AATATCTTGT TTAATGGGGC AGATATGCAT TAAATAGTTT GTACAAGCAG CTTTCGTTGA 420
AGTTTAGAAG ATAAGAAACA TGTCATCATA TTTAAATGTT CCGGTAATGT GATGCCTCAG 480
GTCTGCCTTT TTTTCTGGAG AATAAATGCA GTAATCCTCT CCCAAATAAG CACACACATT 540
TTCAATTCTC ATGTTTGAGT GATTTTAAAA TGTTTTGGTG AATGTGAAAA CTAAAGTTTG 600
TGTCATGAGA ATGTAAGTCT TTTTTCTACT TTAAAATTTA GTAGGTTCAC TGAGTAACTA 660
AAATTTAGCA AACCTGTGTT TGCATATTTT TTTGGAGTGC AGAATATTGT AATTAATGTC 720
ATAAGTGATT TGGAGCTTTG GTAAAGGGAC CAGAGAGAAG GAGTCACCTG CAGTCTTTTG 780
TTTTTTTAAA TACTTAGAAC TTAGCACTTG TGTTATTGAT TAGTGAGGAG CCAGTAAGAA 840
ACATCTGGGT ATTTGGAAAC AAGTGGTCAT TGTTACATTC ATCTGCTGAA CTTAACAAAA 900
CTGTTCATCC TGAAACAGGC ACAGGTGATG CATTCTCCTG CTGTTGCTTC TCAGTGCTCT 960
CTTTCCAATA TAGATGTGGT CATGTTTGAC TTGTACAGAA TGTTAATCAT ACAGAGAATC1020
CTTGATGGAA TTATATATGT GTGTTTTACT TTTGAATGTT ACAAAAGGAA ATAACTTTAA1080
AACTATTCTC AAGAGAAAAT ATTCAAAGCA TGAAATATGT TGCTTTTTCC AGAATACAAA1140
CAGTATACTC ATGAAAAAAA AATGTTTTTT TATTTTTGCA TATTTATTGA ACTGTCTAAT1200
TGAATACAGC TTGCTCTTGT CACCTCAA                                    1228
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 9:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
(A) LÄNGE:914 Basenpaare
(B) TYP: Nukleinsäure
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNAs

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 9:

```
GGCGGTGGTC CGCCATTTCG TGGACGCCGG GTGAGTGAGA GAGTTGGTTG GTGTTGGGCC   60
GGAGGAAAGC GGGAAGACTC ATCGGAGCGT GTGGATTTGA GCCGCCGCAT TTTTTAACCC  120
TAGATCTCGA AATGCATCGT GATTCCTGTC CATTGGACTG TAAGGTTTAT GTAGGCAATC  180
TTGGAAACAA TGGCAACAAG ACGGAATTGG AACGGGCTTT TGGCTACTAT GGACCACTCC  240
GAAGTGTGTG GGTTGCTAGA AACCCACCCG GCTTTGCTTT TGTTGAATTT GAAGATCCCC  300
GAGATGCAGC TGATGCAGTC CGAGAGCTAG ATGGAAGAAC ACTATGTGGC TGCCGTGTAA  360
GAGTGGAACT GTCGAATGGT GAAAAAAGAA GTAGAAATCG TGGCCCACCT CCCTCTTGGG  420
GTCGTCGCCC TCGAGATGAT TATCGTAGGA GGAGTCCTCC ACCTCGTCGC AGATCTCCAA  480
GAAGGAGAAG CTTCTCTCGC AGCCGGAGCA GGTCCCTTTC TAGAGATAGG AGAAGAGAGA  540
GATCGCTGTC TCGGGAGAGA AATCACAAGC CGTCCCGATC CTTCTCTAGG TCTCGTAGTC  600
GATCTAGGTC AAATGAAAGG AAATAGAAGA CAGTTTGCAA GAGAAGTGGT GTACAGGAAA  660
TTACTTCATT TGACAGGAGT ATGTACAGAA AATTCAAGTT TTGTTTGAGA CTTCATAAGC  720
TTGGTGCATT TTTAAGATGT TTTAGCTGTT CAAATCTGTT TGTCTCTTGA AACAGTGACA  780
CAAAGGTGTA ATTCTCTATG GTTTGAAATG GATCATACGA GGCATGTAAT ACCAAGAATT  840
GTTACTTTAC AATGTTCCCT TAAGCCAAAA TTGAATTTGC TTTGAACTTT TAGTTATGCA  900
CAGACTGATA ATAA                                                    914
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 10:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
(A) LÄNGE:1126 Basenpaare
(B) TYP: Nukleinsäure
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNAs

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 10:

```
GAGGCAGCCC TGACACTATG CCACCTGCTG AGCTCCTGGG TGTCACTAGA GAGCCTCACA  60
CTCTCCTACA ATGGCCTGGG CTCTAACATC TTCCGCCTGC TAGACAGCCT GCGGGCCCTG 120
TCAGGCCAGG CTGGATGTCG CCTCCGTGCC CTGCATCTCA GTGACCTGTT CTCACCACTG 180
CCCATCCTGG AGCTGACACG TGCTATCGTG CGAGCACTGC CCCTGCTACG GGTCCTCTCT 240
ATTCGTGTTG ACCACCCAAG CCAGCGGGAC AACCCTGGTG TGCCAGGGAA TGCAGGGCCC 300
CCTAGCCACA TAATAGGCGA TGAGGAGATA CCAGAAAACT GCCTGGAGCA GTTGGAGATG 360
GGNATTTCCA CGGGGAGCCC AGCCAGCCCC ACTGCTGTGC TCCGTTCTGA AGGCCTCGGG 420
TTCTCTGCAG CAGCTGTCCC TGGATAGTGC CACCTTTGCC TCTCCCCAGG ATTTTGGGCT 480
TGTTTTGCAA ACACTCAAAG AGTACAACCT AGCCCTGAAA AGACTGAGCT TCCATGACAT 540
GAATCTCGCT GACTGTCAGA GCGAGGTGCT CTTTTTGCTA CAGAATCTGA CTCTGCAAGA 600
GATTACCTTC TCCTTCTGCC GTCTGTTTGA GAAGCGCCCA GCCCAATTTC TGCCTGAGAT 660
GGTTGCTGCT ATGAAGGGCA ACTCCACACT GAAGGGCCTC CGGCTGCCAG GGAACCGCCT 720
GGGGAATGCT GGCCTGCTGG CCTTGGCAGA TGTTTTCTCA GAGGATTCAT CCTCCTCTCT 780
CTGTCAGCTG GACATCAGTT CCAACTGCAT CAAGCCAGAT GGGCTTCTGG AGTTCGCCAA 840
GCGGCTGGAG CGCTGGGGCC GTGGAGCCTT TGGTCACCTG CGCCTCTTCC AAAACTGGCT 900
GGACCAGGAT GCAGTCACAG CCAGGGAAGC CATCCGGCGG CTCCGGGCTA CCTGCCATGT 960
GGTTAGCGAC TCATGGGACT CATCCCAGGC CTTCGCAGAT TATGTTAGCA CCATGTGATG1020
GGGCCCGTAC CTCACAGTCT CATGCTCGGT ACCATCAGCT TGCAGGGGCT GAAGCATGGG1080
CTGCCCAGAA CCCCAACCAC CAGTTCTATC TTTCTCTTTC TGTGAC              1126
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 12:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
(A) LÄNGE:538 Basenpaare
(B) TYP: Nukleinsäure
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNAs

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 12:

```
TAGACCACTG AGGAGACCAT AGAGCGGATG CTTTCATGCA CCCTTTACTG CACTTTCTGA   60
CCAGGAGCTA CTTTGAGTTT GGTGTTACTA GGATCAGGGT CAGTCTTTGG CTTATCAATA  120
AATTTTAATC TCTGTTAATC TTACCTGCTT TAAAAAAAAG TTCTTGTGTG TTCGTATCTT  180
```

```
TATTTATTCC CTAGTTTGCA GAACTGTCTG AATAAAGGAT ACAAGGATTA TTTCAATGTT  240
ACTGCACTGA AAAACGTGTA TGTATTAGTG TGCTAGATTA TTTAGCAGAA TATTCACAAG  300
TTTCTGTTGA CCTTGTTGAT TGAGCATGAC TACTAAATAT TATGTAATAA AAAGCATTTG  360
TCATAACAGT CTTATGAAGT AGTTCTTCGA ATATAGAAAG TTCTATAATT TAGCCCATGA  420
AATGATAGGT TTTTAATTTT CAGAAATGGA GCTGCATGTA GAATGAGATC ACATGCTTTT  480
ATATGTGAAA TATTGGTTTT AGCAATTAAC AGAAGGCATA CTTTGCTAAT TTTATGGC    538
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 13:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
(A) LÄNGE:321 Basenpaare
(B) TYP: Nukleinsäure
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNAs

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 13:

```
CCCTACAACT GGTTGCAAAC TCAGGCTTTC CCCAGTGACC AACAATTTTA ATTCCAAGAG   60
GTGAGGATCT CAGGAGGTGG CATTCACCCA CCAGGGAGCT AGGGAAAGGG AACCAAGCTG  120
TCTCCACACC CAGGAGAGGT GTCCCTCCAG CCAAGGCAGG CAGGACACTC TGCAGCTCTC  180
CCTCCTGTGC CCAGGCCCTT GACTACACTC TCATCTGCCA TCTGAGCTAA GCCAGGAAGG  240
CAGTTAAAGA AAGGCCCCCA AACATGAAGC AGGGACAAGG AGACGGACAG GGGTCAGATG  300
ACCCATTGAT AGGGAAGAGA G                                             321
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 14:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
(A) LÄNGE:847 Basenpaare
(B) TYP: Nukleinsäure
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNAs

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 14:

```
AGACAAATCT TCTGCATGTC GGAGGAACGG GAATTATTCT GATGAAAAGA AAGATGCTAT   60
GTATTGGGAA AAAAGGCGGA AAAATAATGA AGCTGCCAAA AGATCTCGTG AGAAGCGTCG  120
ACTGAATGAC CTGGTTTTAG AGAACAAACT AATTGCACTG GGAGAAGAAA ACGCCACTTT  180
AAAAGCTGAG CTGCTTTCAC TAAAATTAAA GTTTGGTTTA ATTAGCTCCA CAGCATATGC  240
TCAAGAGATT CAGAAACTCA GTAATTCTAC AGCTGTGTAC TTTCAAGATT ACCAGACTTC  300
CAAATCCAAT GTGAGTTCAT TTGTGGACGA GCACGAACCC TCGATGGTGT CAAGTAGTTG  360
TATTTCTGTC ATTAAACACT CTCCACAAAG CTCGCTGTCC GATGTTTCAG AAGTGTCCTC  420
AGTAGAACAC ACGCAGGAGA GCTCTGTGCA GGGAAGCTGC AGAAGTCCTG AAAACAAGTT  480
CCAGATTATC AAGCAAGAGC CGATGGAATT AGAGAGCTAC ACAAGGGAGC CAAGAGATGA  540
CCGAGGCTCT TACACAGCGT CCATCTATCA AAACTATATG GGGAATTCTT TCTCTGGGTA  600
CTCACACTCT CCCCCACTAC TGCAAGTCAA CCGATCCTCC AGCAACTCCC CGAGAACGTC  660
GGAAACTGAT GATGGTGTGG TAGGAAAGTC ATCTGATGGA GAAGACGAGC AACAGGTCCC  720
CAAGGGCCCC ATCCATTCTC CAGTTGAACT CAAGCATGTG CATGCAACTG TGGTTAAAGT  780
TCCAGAAGTG AATTCCTCTG CCTTGCCACA CAAGCTCCGG ATCAAAGCCA AAGCCATGCA  840
GATCAAA                                                            847
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 16:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
(A) LÄNGE:573 Basenpaare
(B) TYP: Nukleinsäure
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNAs

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 16:

```
GGAGGCTGCT GGGGGCGGCG CGTCCAGCTC TGGGCCAGGG GGTCCAAAGT GCTCAGCCCC   60
CGGGGCACAG CAGGACGTTT GGGGGCCTTC TTTCAGCAGG GGACAGCCCG ATTGGGGACA  120
ATGGCGTCTC TTGGCCACAT CTTGGTTTTC TGTGTGGGTC TCCTCACCAT GGCCAAGGCA  180
GAAAGTCCAA AGGAACACGA CCCGTTCACT TACGACTACC AGTCCCTGCA GATCGGAGGC  240
CTCGTCATCG CCGGGATCCT CTTCATCCTG GGCATCCTCA TCGTGCTGAG CAGAAGATGC  300
CGGTGCAAGT TCAACCAGCA GCAGAGGACT GGGGAACCCG ATGAAGAGGA GGGAACTTTC  360
CGCAGCTCCA TCCGCCGTCT GTCCACCCGC AGGCGGTAGA AACACCTGGA GCGATGGAAT  420
CCGGCCAGGA CTCCCCTGGC ACCTGACATC TCCCACGCTC CACCTGCGCG CCCACGGGCC  480
CCTCCGCCGC CCCTTCCCCA GCCCTGCCCC CGCAGACTCC CCCTGCCGCC AAGACTTCCA  540
ATAAAACGTG CGTTCCTCTC GACAAAAAAA AAA                                573
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 17:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
(A) LÄNGE:486 Basenpaare
(B) TYP: Nukleinsäure
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNAs

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 17:

```
GCCGCACGGC TTGCTGGGGC TGGGCTCTTC CTCGCGGAAG TGGGGAGGAG GCGGTTGCGG   60
TTAGTGGACC GGGACCGGTA GGGGTGCTGT TGCCATCATG GCTGACCCCG ACCCCCGGTA  120
CCCTCGCTCC TCGATCGAGG ACGACTTCAA CTATGGCAGC AGCGTGGCCT CCGCCACCGT  180
GCACATCCGA ATGGCCTTTC TGAGAAAAGT CTACAGCATT CTTTCTCTGC AGGTTCTCTT  240
AACTACAGTG ACTTCAACAG TTTTTTTATA CTTTGAGTCT GTACGGACAT TTGTACATGA  300
GAGTCCTGCC TTAATTTTGC TGTTTGCCCT CGGATCTCTG GGTTTGATTT TTGCGTTGAC  360
TTTAAACAGA CATAAGTATC CCCTTAACCT GTACCTACTT TTTGGATTTA CGCTGTTGGA  420
AGCTCTGACT GTGGCAGTTG TTGTTACTTC TATGATGTAT ATATTATCTG CAAGCTTTCA  480
TACTGA                                                             486
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 18:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE:662 Basenpaare
(B) TYP: Nukleinsäure
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNAs

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 18:

```
CTTTTTTCCT CTACTCCTTC CCCTTCACAC CCCCGTGGCT GGAAGGAACC TCGGCTTCCC   60
TGAAAGCTTG GGGGTCCCAC CCTTCTTACC CCACCCGGGA GGAACGCCCA GGGCCCCGGG  120
CTTGTTTCTC CTCTTGTTTT CCTTTTGGGC AGTTTGATCA CTGATCGAGT AAGGAATGAC  180
CTTTAGATTG TGCGACTTTT GTTTTTGTTT TTTTAAATTT TTTTAAACCA AGAATGATTT  240
CTCCTGCTTC CTTCTCCTCA CCATCTTCCC AGACGGAGTT CAAAGGCCAC TTCTCAAGCA  300
GCTTTTGGCA CCTTCAGCCT CAGAGTGGAA TCTTTTAAAG ACAGGACCCC TATGTCCAGG  360
AAAGGGGAAA AGGAACTTTG CCAATGATAG TGACCACAGC AAAAGCAATA AAATAATAAA  420
ATAAAAAACA ATAGCACAGC CCTTGTTGAG GTCAGCAGGG AGGAGGGGCT GCCCGGAGTT  480
GGGTCCTTGC CTGGATTTTG ACACAGCAAC TTCCTGTAGT GAGCACTTTG TATGAATCGT  540
GGACTTCCTG TTCTCAAGGC GCAGGTATTT ATTCTGTATC TGTCTAGAGC ACACACCAAA  600
ATCCAACCTT CTAATAAACA TGATGGCGCA GTCCCAAAAA AGGAAACAGA AGAAGAAAAG  660
GG                                                                 662
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 19:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
(A) LÄNGE:750 Basenpaare
(B) TYP: Nukleinsäure
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNAs

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 19:

```
ATAGATTTTG AGGGGAAGGA GAGAGGGAAG GGTCAGGGTA GAGACACCCC TCCCTTGCCC   60
CTTTCCTGGG CCCAGAAGTT GGGGGGAGGG AGGGAAAGGA TTTTTACATT TTTTAAACTG  120
CTATTTTCTG AATGGAACAA GCTGGGCCAA GGGGCCCAGG CCCTGTCCTC TGTCCCTCAC  180
ACCCCTTTGC TCCGTTCATT CATTCAAAAA AACATTTCTT GAGCACCTTC TGTGCCCAGC  240
ATATGCTAGG CCCACCAGCT AAGTGTGTGT GGGGGGTCTC TACGCCAGCT CATCAGTGCC  300
TCCTTGCCCA TCCTTCACCG GTGCCTTTGG GGGATCTGTA GGAGGTGGGA CCTTCTGTGG  360
GGTTTGGGGA TCTCCAGGAA GCCCGACCAA GCTGTCCCCT TCCCCTGTGC CAACCCATCT  420
CCTACAGCCC CCTGCCTGAT CCCCTGCTGG CTGGGGGCAG CTCCCAGGAT ATCCTGCCTT  480
CCAACTGTTT CTGAAGCCCC TCCTCCTAAC ATGGCGATTC CGGAGGTCAA GGCCTTGGGC  540
TCTCCCCAGG GTCTAACGGT TAAGGGGACC CACATACCAG TGCCAAGGGG GATGTCAAGT  600
GGTGATGTCG TTGTGCTCCC CTCCCCCAGA GCGGGTGGGC GGGGGGTGAA TATGGTTGGC  660
CTGCATCAGG TGGCCTTCCC ATTTAAGTGC CTTCTCTGTG ACTGAGAGCC CTAGTGTGAT  720
GAGAACTAAA GAGAAAGCCA GACCCCTAAA                                    750
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 21:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
(A) LÄNGE:1001 Basenpaare
(B) TYP: Nukleinsäure
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNAs

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 21:

```
GGGGGAGAGA GGGAGGCCTT TGGGCGGTGG GGGCCACGGG GAGGGTGGTC CTCGGACTAC  60
GTGCGGGACA GGAGGTCAGG GCTGGCAAGT CCCTCAGGCC TCCCTCGTTG CCCCAGCCTC 120
GCGGGCCGCC TAACTGCCCC GTTCCAAGGG TGCCACCGGA CCCCGCTGGA GAGGAACTTC 180
TCCGTTGGCT GATTTCATCA CCACCCATTC CCGATTCCAC GTTTCCTTTA AGCGGGGCTG 240
```

```
GCGGAGCGCA AGGGGGCAAG GAACTGGATT GCGATTGGTC AGCACGTGCC TCGGTCGGCG 300
GTACAATTGG CTGAGGCGCT GGGCCTTGGG AAGCATTCCC CGACGGGATT GGTCGTCGCT 360
CTCGCAGAGC CCGCCTCCCG CAGTACAAGC GGCCCCCGGG TGGGGGGGGA GGAGGGGACT 420
CCGGGAGGAG GAACATGGCG GTGGCGGACC TCGCTCTCAT TCCTGATGTG GACATCGACT 480
CCGACGGCGT CTTCAAGTAT GTGCTGATCC GAGTCCACTC GGCTCCCCGC TCCGGGGCTC 540
CGGCTGCAGA GAGCAAGGAG ATCGTGCGCG GCTACAAGTG GGCTGAGTAC CATGCGGACA 600
TCTACGACAA AGTGTCGGGC GACATGCAGA AGCAAGGCTG CGACTGTGAG TGTCTGGGCG 660
GCGGGCGCAT CTCCCACCAG AGTCAGGACA AGAAGATTCA CGTGTACGGC TATTCCATGG 720
CCTATGGTCC TGCCCAGCAC GCCATTTCAA CTGAGAAAAT CAAAGCCAAG TACCCCGACT 780
ACGAGGTCAC CTGGGCTAAC GACGGCTACT GAGCACTCCC AGCCCGGGGC CTGCTGCCTC 840
CAGCAGCCAC TTCAGAGCCC CCGCCTTTGC CTGCACTCCT CTTGCAGGGC TGGCCCTGCC 900
TGCTCCTGCG GCAGCCTCTG GTGACGTGCT GTCCACCAGG CCTTGGAGAC AGGCTAGCCT 960
GGCCACAGAA TTAAACGTGT TGCCACACCT GCCGGCTTCT G                    1001
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 23:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
(A) LÄNGE:580 Basenpaare
(B) TYP: Nukleinsäure
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNAs

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 23:

```
CGAAACGTGC GCAGGCGCCG GCCGCTGCGC TGCAGATGGC GGAAATGGAT CCGGTAGCCG   60
AGTTCCCCCA GCCTCCCGGT GCTGCGCGCT GGGCTGAGGC CCTTCTGCGA TGTTTTACCT  120
GGCTGCGGCT GTGTCAGATT TCTATGTTCC TGTCTCTGAA ATGCCTGAAC ACAAGATCCA  180
GTCATCTGGG GGCCCACTGC AGATAACAAT GAAGATGGTG CCAAAACTGC TTTCTCCTTT  240
GGTTAAAGAT TGGGCTCCCA AAGCATTTAT AATTTCCTTT AAGTTGGAGA CTGACCCCGC  300
CATTGTAATT AATCGAGCTC GGAAGGCTTT GGAAATTTAT CAGCATCAAG TGGTGGTGGC  360
TAATATCCTT GAGTCACGAC AGTCCTTTGT GTTTATTGTA ACCAAAGACT CGGAAACCAA  420
GTTATTGCTA TCAGAGGAAG AAATAGAAAA AGGCGTAGAG ATAGAAGAGA AGATAGTGGA  480
TAATCTTCAG TCTCGACACA CAGCTTTTAT AGGTGACAGA AACTGAAGTA AAAAGCCCTT  540
ATAGGATCAA AAATTGTTCA GGGCTCTTAG AGATGGTGAA                        580
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 24:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE:740 Basenpaare
(B) TYP: Nukleinsäure
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNAs

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 24:

```
GGATGCGTGG CGGGGAGCGC CGGGCTCTCC CGGAAGTCTC CCTGGACGGA AGTGGAAACG   60
GAAACCTTTT TAGGGAGTCC AAGGTACAGT CGCCGCGTGC GGAGTTGTTA CTGGTTACTT  120
GGCCTCATGG CGGTCCGAGC TTCGTTCGAG AACAACTGTG AGATCGGCTG CTTTGCCAAG  180
CTCACCAACA CCTACTGTCT GGTAGCGATC GGAGGCTCAG AGAACTTCTA CAGTGTGTTC  240
GAGGGCGAGC TCTCCGATAC CATCCCCGTG GTGCACGCGT CTATCGCCGG CTGCCGCATC  300
ATCGGGCGCA TGTGTGTGGG GAACAGGCAC GGTCTCCTGG TACCCAACAA TACCACCGAC  360
CAGGAGCTGC AACACATTCG CAACAGCCTC CCAGACACAG TGCAGATTAG GCGGGTGGAG  420
GAGCGGCTCT CAGCCTTGGG CAATGTCACC ACCTGCAATG ACTACGTGGC CTTGGTCCAC  480
CCAGACTTGG ACAGGGAGAC AGAAGAAATT CTGGCAGATG TGCTCAAGGT GGAAGTCTTC  540
AGACAGACAG TGGCCGACCA GGTGCTAGTA GGAAGCTACT GTGTCTTCAG CAATCAGGGA  600
GGGCTGGTGC ATCCCAAGAC TTCAATTGAA GACCAGGATG AGTGTCTCTC TTTTCAAGTC  660
CCTTGTTGCG GGGATGTGAA CGAAGCATTA AGTGATTCTT GGGATGTGTA TAATGTGTCC  720
TTCGTGCCTG AAACCACCAG                                              740
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 26:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
(A) LÄNGE:975 Basenpaare
(B) TYP: Nukleinsäure
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNAs

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 26:

```
ATGGGCTACA ACCTGAGCCC CCAGTTCACC CAGCTTCTGG TCTCCCGCTA CTGCCCACGC   60
TCTGCCAATC CTGCCATGCA GCTTGACCGC TTCATCCAGG TGTGCACCCA GCTGCAGGTG  120
CTGACAGAGG CCTTCCGGGA GAAGGACACA GCTGTACAAG GCAACATCCG GCTCAGCTTC  180
GAGGACTTCG TCACCATGAC AGCTTCTCGG ATGCTATGAC CCAACCATCT GTGGAGAGTG  240
GAGTGCACCA GGGACCTTTC CTGGCTTCTT AGAGTGAGAG AAGTATGTGG ACATCTCTTC  300
TTTTCCTGTC CCTCTAGAAG AACATTCTCC CTTGCTTGAT GCAACACTGT TCCAAAAGAG  360
GGTGGAGAGT CCTGCATCAT AGCCACCAAA TAGTGAGGAC CGGGGCTGAG GCCACACAGA  420
TAGGGGCCTG ATGGAGGAGA GGATAGAAGT TGAATGTCCT GATGGCCATG AGCAGTTGAG  480
TGGCACAGCC TGGCACCAGG AGCAGGTCCT TGTAATGGAG TTAGTGTCCA GTCAGCTGAG  540
CTCCACCCTG ATGCCAGTGG TGAGTGTTCA TCGGCCTGTT ACCGTTAGTA CCTGTGTTCC  600
CTCACCAGGC CATCCTGTCA AACGAGCCCA TTTTCTCCAA AGTGGAATCT GACCAAGCAT  660
GAGAGAGATC TGTCTATGGG ACCAGTGGCT TGGATTCTGC CACACCCATA AATCCTTGTG  720
TGTTAACTTC TAGCTGCCTG GGGCTGGCCC TGCTCAGACA AATCTGCTCC CTGGGCATCT  780
TTGGCCAGGC TTCTGCCCTC TGCAGCTGGG ACCCCTCACT TGCCTGCCAT GCTCTGCTCG  840
GCTTCAGTCT CCAGGAGACA GTGGTCACCT CTCCCTGCCA ATACTTTTTT TAATTTGCAT  900
TTTTTTTCAT TTGGGGCCAA AAGTCCAGTG AAATTGTAAG CTTCAATAAA AGGATGAAAC  960
TCTGGAAAAA AAAAA                                                   975
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 27:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
(A) LÄNGE:854 Basenpaare
(B) TYP: Nukleinsäure
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNAs

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 27:

```
GAACACACAC ACAGGTGTTC TGACCAGCTC AGGCTTGCCA CAGTGAGCAA CTCTGTGGCT   60
AGCAAAAGAG AAGTTTATTT GTGCCCAGCC ATTGGTCACC TTGGGTGATG CACCAGATAG  120
CAGGCAGATG TTGGTTCATT GGCCTTCGTC CTCTTTCCTC CTAAAATAAT ATTGGCTTTA  180
CCATCTTAAC TCAGCTGTGG GTTTTTTGTG GGTTCTTGTT TGTTTTTTGG CATGAATTGT  240
CATCTTTGGT GTTTTTTTAA CCCCCAGCCC CTCAAAAAAA TAAGGCCTCC AGGTATCAAG  300
ATCTCATATT AGGATTTTCT GTCCTTAATT TTTTGAGCAA AATCTGGAAA ATGTGAAAGC  360
ATATTTAGAT TTTATATACT ATCTGAAATG TGATTTGTTA AGATTCTTAA ATTTGGGCCT  420
CTTAGAATAA TTTTGAATGA GATCTACCGA CTCACTTGTG AGAATATTTT TCACAGATTA  480
TCTTTGGGCC TTTTCATTAG AAAGCTGTTT GTTTGTCCCC CTGTTGGTAC ATTTGGTTAC  540
CTCATTTTGC CGTTTCAGAT TGTGAAAGCT CACAGGGGTG TTTTTTGGAA TCATTTGCTG  600
AGTCATTTTC TCAAATCATA TTCCATTGTA TCAGTTAACA TATAGTTTTA AATGTATGTA  660
TTATAAATAT CTGTAACCAA ATCATTTGAA GGCTTGATAA ATTTTTAACA AAGTTTGTAC  720
ATTTTTTATG AAAGTTACTA GTAATGCTTT ACTAAGTAGT GCAATGAATT TTTATTTTTA  780
ATCCCTGTGC CCAATTTTGG AGTTGAGAGG GTTGTTGGTA ATAAATGTAT GATGTACACT  840
TAAAAAAAAA AAAA                                                    854
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 28:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
(A) LÄNGE:802 Basenpaare
(B) TYP: Nukleinsäure
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNAs

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 28:

```
TTTTTTTCAG AGTGCTAGGG CTTTATTACA AATGGAGTTG ACTGCTAGAG AGGCCCTTCT   60
CCAATCTTTC TTCTGTACCT TCTTCCCTCC CAAAGACATC CCTCTAGGGG AGGTCAGTAG  120
GCCATTAGGT AGGAGGAAAT CTGGAGAGTG AAAAGGGGCC TTGCTTTTGT CAAAGTCCTC  180
TGAAACAACC ACTGAGTCTG AAGGCTGGCT CCAGTTGAGA ATCTTCTAGT GGAAGAGGTT  240
TAGCTCTCAT CTTCAAGGTC CTTCATTTCT ACATCCTGGG GGGCTTTTGT CTTCTTTTGC  300
CTTTTGAGCT GTGGTTCACT AGTCCTGGCT GGCTTTGAAG GGGCTTCCAC TTCCATGGCT  360
GTCTTCTCTT TCTGGGCAAG CCGGATCTGC TGGAGGAGTT TTCTGCGCTT CTTCCCTGAC  420
AGTGTAATGT TGGCACGTGC ACTGGACGCC CGCTTCTTGA GGTGGTGCCG CGTGATCAGC  480
CCTTGGTCTA TCACAGCCCC GACCACCCGG TGCCTCAGAC GCCGCTCCCG ATTCAACACC  540
CGCCGGCGTT TGAACAGCTT CTTCTTCAGC TCCGTTCGGG GCCGGTTGAT CTTTCCCCCC  600
GGAGCTCCCA TAGTCGCGAT TCCACTCCAG TTCACGGTCC GTACTTCCGC TCAGCGCCGG  660
ATCCGCGGGC TCCGCCCCGG CCTTCCGCGG GCCAATCGCA ACTCGGGGGC GGGTCCTCGG  720
```

GCTATATAAA GGAGCTCCGC GGTGCGGGAG GCCTTTCGGA GGGTGGTGAG CTAGTAAGTG 780
TGGTTTTAGC TGTAGTAGCC AG 802

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 29:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
(A) LÄNGE:807 Basenpaare
(B) TYP: Nukleinsäure
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNAs

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 29:

CCCCGTCCGC GCGTGGTGGC TGCTGCTGTG CATGTCCCTG CGATGGGAGT CTTGTGCCCA 60
GCCTGTCAGT TTCCTCCCCA GGGCAGAGCT CCCCTTCCTG CAAGAGTCTG GGAGGCGGTG 120
CAGGCTGTCC TGGCTGCTCT GGGGAAGCCG AGGGACAGCC ATAACACCCC CGGGACAGTA 180
GGTCTGGGCG GCACCACTGG GAACTCTGGA CTTGAGTGTG TTTGCCTCTT CCTTGGGTAT 240
GAATGTGTGA GTTCACCCAG AGGCCTGCTC TCCTCACACA TTGTGTGGTT TGGGGTTAAT 300
GATGGAGGGA GACACCTCCT CATAGACGGC AGGTGCCCAC CTTTCAGGGA GTCTCCCAGC 360
ATGGGCGGAT GCCGGGCATG AGCTGCTGTA AACTATTTGT GGCTGTGCTG CTTGAGTGAC 420
GTCTCTGTCG TGTGGGTGCC AAGTGCTTGT GTAGAAACTG TGTTCTGAGC CCCCTTTTCT 480
GGACACCAAC TGTGTCCTGT GAATGTATCG CTACTGTGAG CTGTTCCCGC CTAGCCAGGG 540
CCATGTCTTA GGTGCAGCTG TGCCACGGGT CAGCTGAGCC ACAGTCCCAG AACCAAGCTC 600
TCGGTGTCTC GGGCCACCAT CCGCCCACCT CGGGCTGACC CCACCTCCTC CATGGACAGT 660
GTGAGCCCCG GGCCGTGCAT CCTGCTCAGT GTGGCGTCAG TGTCGGGGCT GAGCCCCTTG 720
AGCTGCTTCA GTGAATGTAC AGTGCCCGGC ACGAGCTGAA CCTCATGTGT TCCACTCCCA 780
ATAAAAGGTT GACAGGGAAA AAAAAAA 807

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 30:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
(A) LÄNGE:777 Basenpaare
(B) TYP: Nukleinsäure
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNAs

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 30:

```
CTCTCTGCCA GCTGATGTGC CCTGTTGCCC CCCACCCCAT CCCGCACAGA ACCATCCCTG   60
CATTCCACAG GGGACTCGGG CAAGGGTGCC GAAGATAGAC AAGAGGCACA CAGAGACAGA  120
CCAACTGGCA GCCAGGCAGC CCCAGAGGAG AGAGACATTC AGACAGAGGA AAGTCTCCCT  180
GCCCCTCATT CCTTCCAAGA TGAGAAAAAC TTGCCGCCAC CCCCCGACAC TGATGCCAGG  240
GAGGTGGGAG GAAGAAGTGG GAAATTTCCC TTCCCAGTAC CCCCAAGAAC GTCTGAGCCT  300
TCAATGTTGA ATTTTTTCTT TATTAAAATT ACTTTTATCT TATAAAATCA ACTAATCAAA  360
AATGATATAG ACGACAGCAC TGGCTCTGTG AAGGTGGCAT CTTTCTGGGC AGGCAGGCCA  420
TGGGGCATGG AGGAGGGTGC AAAGATATGG GTTGCTGTCT TCTGGCCTCC AGCTGCATGG  480
AGGCCGGCCC AGGGTCTAGG GTGTGCACTG GGCAAGGGCA GGGCGGCAGG TGTCAGGCCG  540
GCTTGGACAA TGAAACCCTG ACCTTGCTGC ATTCCTTTTG CTTCCACCAC CACTAGCTTC  600
TTTGGAATCT TGGGGTGGGG GTCATCTTTG GGGATTATGG CTGCCACCCG GGATTTGAGT  660
GTAGGGAGTG TGGGAGCAGC CTTGGCAGAT GGGGCACCCG TGCCCTGCAG GTGTTGACAA  720
GATCCGCCAT CTGTAATGTC CTTGGCACAA TAAAACCAAA TGTCAGTTTC AAAAAAA     777
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 31:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
(A) LÄNGE:501 Basenpaare
(B) TYP: Nukleinsäure
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNAs

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 31:

```
CCGGATTCCG CCCCGCCCGC TGCGATCCGG TTCCGCTCCC CACAACCCGC TCTGTGGCGG   60
GGCTTCCGGT CGGGAGGGTC CGCCAGCTCT CGCGTCCTTT GCTGGGTCCA GACACCGGTT  120
CCGTTGCAAA CATTTTTAAA GGGCTGGTTA TTCTTCCTGA AATGAGTTTG GTGATTAGAA  180
ATCTGCAGCG AGTCATCCCC ATCAGGAGAG CGCCACTTCG CAGTAAGATC GAGATTGTAA  240
GGAGGATTTT AGGAGTGCAG AAATTTGACC TGGGGATCAT CTGTGTTGAC AACAAGAATA  300
TTCAGCACAT TAATAGAATC TACAGAGATA GAAATGTCCC AACCGATGTG CTTTCTTTTC  360
CATTTCATGA GCATCTGAAA GCAGGTGAAT TTCCCCAGCC TGATTTTCCA GATGACTACA  420
ATTTGGGAGA CATTTTCCTA GGAGTGGAGT ATATCTTCCA TCAGTGTAGA GAAGATGAAG  480
ATTACAATGA CGTCCTGACT G                                             501
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 32:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
(A) LÄNGE:1104 Basenpaare
(B) TYP: Nukleinsäure
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNAs

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 32:

```
ATTTTGACCC TAAACTTTTG GAAGGAAAAG TAAAGGAGGA TCCTGACCAG GGGGAATCCA   60
TGAAACCTTT AACCTTTGCA AGGTTCTACT TGCCAATTCT GGTTCCCAGC GCAAAGAAGG  120
CCATATACAT GGATGATGAT GTAATTGTGC AAGGTGATAT TCTTGCCCTT TACAATACAG  180
CACTGAAGCC AGGACATGCA GCTGCATTTT CAGAAGATTG TGATTCAGCC TCTACTAAAG  240
TTGTCATCCG TGGAGCAGGA AACCAGTACA ATTACATTGG CTATCTTGAC TATAAAAAGG  300
AAAGAATTCG TAAGCTTTCC ATGAAAGCCA GCACTTGCTC ATTTAATCCT GGAGTTTTTG  360
TTGCAAACCT GACGGAATGG AAACGACAGA ATATAACTAA CCAACTGGAA AAATGGATGA  420
AACTCAATGT AGAAGAGGGA CTGTATAGCA GAACCCTGGC TGGTAGCATC ACAACACCTC  480
CTCTGCTTAT CGTATTTTAT CAACAGCACT CTACCATCGA TCCTATGTGG AATGTCCGCC  540
ACCTTGGTTC CAGTGCTGGA AAACGATATT CACCTCAGTT TGTAAAGGCT GCCAAGTTAC  600
TCCATTGGAA TGGACATTTG AAGCCATGGG GAAGGACTGC TTCATATACT GATGTTTGGG  660
AAAAATGGTA TATTCCAGAC CCAACAGGCA AATTCAACCT AATCCGAAGA TATACCGAGA  720
TCTCAAACAT AAAGTGAAAC AGAATTTGAA CTGTAAGCAA GCATTTCTCA GGAAGTCCTG  780
```

```
GAAGATAGCA TGCGTGGGAA GTAACAGTTG CTAGGCTTCA ATGCCTATCG GTAGCAAGCC 840
ATGGAAAAAG ATGTGTCAGC TAGGTAAAGA TGACAAACTG CCCTGTCTGG CAGTCAGCTT 900
CCCAGACAGA CTATAGACTA TAAATATGTC TCCATCTGCC TTACCAAGTG TTTTCTTACT 960
ACAATGCTGA ATGACTGGAA AGAAGAACTG ATATGGCTAG TTCAGCTAGC TGGTACAGAT1020
AATTCAAAAC TGCTGTTGGT TTTAATTTTG TAACCTGTGG CCTGATCTGT AAATAAAACT1080
TACATTTTTC AAAAAAAAAA AAAA                                       1104
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 33:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
(A) LÄNGE:810 Basenpaare
(B) TYP: Nukleinsäure
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNAs

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 33:

```
GCCATCCTTT ATCATCCACA GCAATCCCAT CTGGTTGGGA GCACTGCTCT GGGTCTCACA   60
CTGCCCCTCC TCTATCCTAG GGAGCCTGAG GCCCAGGGGT GGAAAGATCC AGTTGCGGGT  120
GGGGGGTAGT GAACCGTGCA GGATAATGAA AGCAACTTGC TTTGGAAATG ACCTACCGCT  180
ACCCGTTGTC TGAGACTGAG ATTATCTCAG ACTGTCTTCT GGCTTCTGCC AAAACACTCC  240
CTTAACAGAA AGCACCGAGG GGATGGGGGT AGGGGGGTTG GGGAGAGTGA GGCTTGAGTG  300
TGAAGGAAGT CTCATATATG CAGAGCTGAA ATCTCCCTCT TTGTATGTCC ACACTTTTGT  360
CTTGTTCTCT AGACTGATTC TTGCTATTCC AAATCCTCTT CCACGTTGAC AGCCCTTCAG  420
ATATTTCAAC ACTCCTCTCA GCATCCTCCA CTTCCCCCAT CTCTCCAAGC TGAACTTGGT  480
TCACAGGGTG GGATTGTGTA TGTGCATGCA GGAGGTGGGG GTGGACAGTG CCCTGGGCTG  540
GAATCCCCCT TAGTTCTAAG TGCCTCCTTG CCCGCAGCTT CGAGAGCTGT GCCCAGGAGT  600
GAACAACCAG CCCTACCTCT GTGAGAGTGG TCACTGCTGC GGGGAGACTG GCTGCTGCAC  660
CTACTACTAT GAGCTCTGGT GGTTCTGGCT GCTCTGGACT GTCCTCATCC TCTTTAGCTG  720
CTGTTGCGCC TTCCGCCACC GACGAGCTAA ACTCAGGCTG CAACAACAGC AGCGGCACGT  780
GGAAATCAAC TTGTTGGCCT ATCATGGGGC                                   810
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 35:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
(A) LÄNGE:826 Basenpaare
(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNAs

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 35:

```
TGGAAATCAT GGCAACTACA CAGGATGTTG CTTACCAGGA CGGAGTTTTG GTATCTTAGT   60
ACTGAAGTTA GCACTATGTT TACATGCAAA AGATTAAGGA AAAAACCCTT AAAGTGGACA  120
GGTATCCAAA GTTCATTTTC TGTGACTCAT CAAAGTGACA AAAGACTTGT AACAACTTTG  180
CCTGGACTTT TTTCATTTTA CAACAGTTCA TCCATTCACA ATGATTTTGT TCTCTGCTCC  240
ATATTTTTTA ATCCCTTAAG CATTTGATGA AACACTCTTT AGTGCTATAT GCATTTTCTT  300
ACTTTTGTTA AAAATGTGAC AATTGTCAAA AAATGCACTA AAATGTAAAT GGAGATTGAA  360
CAAGTTCACT TTCCAGCTTA TAGGCAACTT TATACAGACT TGAACATTTT CTCCAGTTGT  420
TTAGTAAAAG TGAAAGAGAA AGGGTTTTTC CTGCCACAGG ATATAACTTT TTTTTATATA  480
ACAAGCATAA CACACCACTG CTTTTGGTGG AAAAGTGCAG AATAGTATGT ACCTTTTATG  540
AAGAAAAATG TAATTTACAA TATTCAGTGA GAATGTTACT GCTGATTTTC TTTTCCAAGG  600
TGTAGAATAT TCTTTGATTT ATAGAATTCA TTTTTGACCC AGATGATGGT TCCTTTACAG  660
AACAATAAAA TGGCTGAACA TTTTCACAAA TAGAGTGTAA CGAAGTCTGG ATTTCTGATA  720
CCTTGTCATT TGGGGGATTT TATTTTACTT TGTTGCTTTA AAATTCAATG CAGAGAAGTT  780
GTTGACTGTA GGGGAAATAA AGTTAATTCA AATTTTGAAA AAAAAA                  826
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 36:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
(A) LÄNGE:578 Basenpaare
(B) TYP: Nukleinsäure
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNAs

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 36:

```
GTTCTTAACT GTTCCATTTT CCGTATCTGC TTCGGGCTTC CACCTCATTT TTTTCGCTTT   60
GCCCATTCTG TTTCAGCCAG TCGCCAAGAA TCATGAAAGT CGCCAGTGGC AGCACCGCCA  120
CCGCCGCCGC GGGCCCCAGC TGCGCGCTGA AGGCCGGCAA GACAGCGAGC GGTGCGGGCG  180
AGGTGGTGCG CTGTCTGTCT GAGCAGAGCG TGGCCATCTC GCGCTGCGCC GGGGGCGCCG  240
GGGCGCGCCT GCCTGCCCTG CTGGACGAGC AGCAGGTAAA CGTGCTGCTC TACGACATGA  300
ACGGCTGTTA CTCACGCCTC AAGGAGCTGG TGCCCACCCT GCCCCAGAAC CGCAAGGTGA  360
GCAAGGTGGA GATTCTCCAG CACGTCATCG ACTACATCAG GGACCTTCAG TTGGAGCTGA  420
ACTCGGAATC CGAAGTTGGA ACCCCCGGGG GCCGAGGGCT GCCGGTCCGG GCTCCGCTCA  480
GCACCCTCAA CGGCGAGATC AGCGCCCTGA CGGCCGAGGC GGCATGCGTT CCTGCGGACG  540
ATCGCATCTT GTGTCGCTGA AGGCCTCCCC CAGGGACC                           578
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 37:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
(A) LÄNGE:799 Basenpaare
(B) TYP: Nukleinsäure
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNAs

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 37:

```
AGCTTTTGTT CACACTTTAA ATAGCAGTCC CAGAATGATT TCACTACAGA CTCTCTGGAA   60
AGCCTGGGAG CTGAATTCCG GAAGATCCCC ACATCGATGA AAGCAAAGCG AAGCACCAAG  120
CCATCATCAT GTCCACGTCG CTACGAGTCA GCCCATCCAT CCATGGCTAC CACTTCGACA  180
CAGCCTCTCG TAAGAAAGCC GTGGGCAACA TCTTTGAAAA CACAGACCAA GAATCACTAG  240
AAAGGCTCTT CAGAAACTCT GGAGACAAGA AAGCAGAGGA GAGAGCCAAG ATCATTTTTG  300
CCATAGATCA AGATGTGGAG GAGAAAACGC GTGCCCTGAT GGCCTTGAAG AAGAGGACAA  360
AAGACAAGCT TTTCCAGTTT CTGAAACTGC GGAAATATTC CATCAAAGTT CACTGAAGAG  420
```

```
AAGAGGATGG ATAAGGACGT TATCCAAGAA TGGACATTCA AAGACCAAGT GAGTTTGTGA  480
GATTCTAACA GATGCAGCAT TTTGCTGCTA CCTTACAAGC TTCTCTTCTG TCAGGACTCC  540
AGAGGCTGGA AAGGGACCGG GACTGGAAAG GGACCAGGAC TGAACAGACT GGTTACAAAG  600
ACTCCAAACA ATTTCATGCC CTGTGCTGTT ACAGAGGAGA ACAAAATGCT TTCAGCAAGG  660
ATTTGAAAAC TCTTCCGTCC CTGCAGGAAA GGATTGACGC TGATAGAAGA GCCTGGACAG  720
ATGTAATGAG AACTAAAGAA AACGATGGCT GGAGATGACA TTTATCCAGG GTCACTTTGT  780
CAGGCCCTAG GACTTAAAT                                               799
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 39:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
(A) LÄNGE:1743 Basenpaare
(B) TYP: Nukleinsäure
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNAs

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 39:

```
AATTTATTTT TTTTTCATGG TCTGTCAGGT TTTATTTATA GAGTCTGGTG AACTTGAACT   60
AGAGAAAGCT GCAAAAAGTG GTTTGGAGAG CATGGCAGGG CCATGGAGAA GGGCTAATAG  120
AAGCAGGTCC CTTGCCCAGA CCCTCAGGGA GCCCTTTTGG TGGATAGCGG ACACCTGAGG  180
CAGGAGGTGG CAGGGGCCAA GTCCAGGCAG GCAGCAGCAG GGCTGCAACT GAGAGCTGAG  240
GCTGGAGAGG TAGCGCTCGC CCTAACCTGA TCCTGCAGGT CTCAGGCCCT GGGGTCATAT  300
ACTCGCCCCA TGAAGACAGG GAACTTGTGC TGCTGGTCCC AGAGCACGAA GAGGAAGGGC  360
TGCTGCACTT CAAAGACCAG CAGGGTGCGG GCCACAGAGA TGGCGGAGGC TGCAGCCGCC  420
TCCACCCCAG TCTCTGTCAG TTCCAGCACT GTCTGGTGCT GCATCGCAGA AACCTGAAGA  480
TCTGGGTCCT CTGTCAGCCC ACACAGGTTA AGGTCATAAG AAAAATCGAA GAATTCCAAT  540
TTCTCCATGA TTGAGAGCAT ATCCTGGCTG GTCGTCACTT TGATGCGGGG TAGTGTTAGG  600
AGAGTGGGCT GGAACTTGGA CATCTCCAGT TTCTCCATGA TGGCCTTGAA AACAGAAGGG  660
CTGAGAGCCT GTTCCATGTC TTCAAGACGA TGTTTCAGGT TCTGGGGGTAC CAGGATCACC  720
AAACTCAGAT TGTGGGAGAG CTGCAGCTGC CCCACCTTGG CTTTCAAAGT TTGGTCAATG  780
AAATGGGCCA CAGGGTACTT CTTGCTATTC ATCATGGGCA CTTTTATAAC TGAGTTTTTG  840
AAGTGAAAGG GTTCCATTCT GGTTTTCTTG GGATCAAATG TTGTCTTCCA CTTGGCACTC  900
AGGTAGATAG CATTGAGGAG GACAAGGCGG GTATCGGAGG GCAGACTGTC TAGCAGCCGG  960
CTGATCTTGT TGTTGGTGTT CTTGGCCACC CAGGTGTTGA TGAGCTCCAA AGTTGAATAG1020
CAAGAAGTAC CCTGTGGCCC ATTTCATTGA CCAAACTTTG AAAGCCAAGG TGGGGCAGCT1080
GCAGCTCTCC CACAATCTGA GTTTGGTGAT CCTGGTACCC CAGAACCTGA AACATCGTCT1140
TGAAGACATG GAACAGGCTC TCAGCCCTTC TGTTTTCAAG GCCATCATGG AGAAACTGGA1200
```

GATGTCCAAG TTCCAGCCCA CTCTCCTAAC ACTACCCCGC ATCAAAGTGA CGACCAGCCA1260
GGATATGCTC TCAATCATGG AGAAATTGGA ATTCTTCGAT TTTTCTTATG ACCTTAACCT1320
GTGTGGGCTG ACAGAGGACC CAGATCTTCA GGTTTCTGCG ATGCAGCACC AGACAGTGCT1380
GGAACTGACA GAGACTGGGG TGGAGGCGGC TGCAGCCTCC GCCATCTCTG TGGCCCGCAC1440
CCTGCTGGTC TTTGAAGTGC AGCAGCCCTT CCTCTTCGTG CTCTGGGACC AGCAGCACAA1500
GTTCCCTGTC TTCATGGGGC GAGTATATGA CCCCAGGGCC TGAGACCTGC AGGATCAGGT1560
TAGGGCGAGC GCTACCTCTC CAGCCTCAGC TCTTCAGTTG CAGCCCTGCT GCTGCCTGCC1620
TGGAATTGGC CCCTGCCACC TCCTGCCTCA GGTGTCCGCT ATCCACCAAA AGGGCTCCCT1680
GAGGGTCTGG GGCAAGGGAC CGTGCTTCTA ATTAAGCCCT TCTTCCAATG GGCCTTGCAT1740
GGC 1743

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 41:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
(A) LÄNGE:1183 Basenpaare
(B) TYP: Nukleinsäure
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNAs

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 41:

GCCAATCGAA TCGTCCTGGG AGGCTTTTCA CAGGGCGGGG CCCTGTCCCT CTACACGGCC 60
CTCACCTGCC CCCACCCTCT GGCTGGCATC GTGGCGTTGA GCTGCTGGCT GCCTCTGCAC 120
CGGGCCTTCC CCCAGGCAGC TAATGGCAGT GCCAAGGACC TGGCCATACT CCAGTGCCAT 180
GGGGAGCTGG ACCCCATGGT GCCCGTACGG TTTGGGGCCC TGACGGCTGA GAAGCTCCGG 240
TCTGTTGTCA CACCTGCCAG GGTCCAGTTC AAGACATACC CGGGTGTCAT GCACAGCTCC 300
TGTCCTCAGG AGATGGCAGC TGTGAAGGAA TTTCTTGAGA AGCTGCTGCC TCCTGTCTAA 360
CTAGTCGCTG GCCCCAGTGC AGTACCCCAG CTCATGGGGG ACTCAGCAAG CAAGCGTGGC 420
ACCATCTTGG ATCTGAGCCG GTCGAGCCCC TGTCCCCACC CTTCCTGACC TGTCCTTTTC 480
CCACAGGCCT CTGGGGGCAG GTGGCAAGGC CTGGCCGGGC CTTCCTTCCT GGCCTTAGCC 540
ACCTGGCTCT GTCTGCAGCA GGGGCAGGCT GCTTTCTTAT CCATTTCCCT GGAGGCGGGC 600
CCCCCTGGCA GCAGTATTGG AGGGGCTACA GGCAGCTGGA GAAAGGGGCC CAGCCGCTGA 660
CCCACTCACT CAGGACCTCA CTCACTAGCC CCGCTTTGGG CCCCCTCCTG TGACCTCAGG 720
GTTTGGCCCA TGGGGCCCTC CCAGGCCCCT GCCCCAACTG ATTCTGCCCA GATAATCGTG 780
TCTCCTGCCT CCACTCAGCT GCTTCTCAGT CATGAATGTG GCCATGGCCC CGGGGTCCCC 840
TTGCTGCTGT GGGCTCCCTG TCCCTGGGCA GGAGTGCTGG TGAGGAGGTG GAGCCTTTTG 900
AGGGGGGCCT TCCCTCAGCT GTTTCCCCAC ACTGGGGGGC TGGGCCCTGC CTCCCCGTTA 960
CCCTCCTTCC CTGCAGGCCT GGAGCCTGTA GGGCTGGACT GAGGTTCAGG TCTCCCCCCA1020

GCTGTCTCAC CCCCACTTTG TCCCCACTCT AGAGCAGGGA GGCAGTGGGG GAGGAGTTGT1080
GTCTCGTCTT CTGTCTCCAT GTGGTTTTTG GGTGTTTTTC TTGTTGTGTC CTGGATTCCG1140
ATAAAATTAA AGAAATTGCT TCCTCAAAAA AAAAAAAAAA AAA 1183

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 42:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
(A) LÄNGE:768 Basenpaare
(B) TYP: Nukleinsäure
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNAs

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 42:

GTTTTTTTTT TTACTGCAGA AAATTGGTGG TATTTTCACA TTCATAGTGT TTCTATCCAA 60
TTTCAGTACC CACATTTAAT GAGGAAAAAA TGTTTTACCA ATGAAGGAGG AATTCTTAAA 120
TTAGCTGTAA TGTTAGGTTG GAGAAAATTT GGTATTTAGG GTATTTTCAA GGTACCATCA 180
AATCAGATTT CTGTTTTTTT GTTAAAAAAA ATTTTTTTAA TCAGTATTGT TTTTACAAGT 240
AATATACTTT GAAACTCTTG AACTAATAGT CTCAAAAACT CTAGAGGACA GTCTGAGAAC 300
ACGTATTTCT ATTGTTCTAA ATAAATACAT GTTTTTGAAT AGTTCAATCA TGAATTATTG 360
ACTATGTCTT CATCAAAAGT GTTAATCCCT CTCAGGGTCT CTGGTGAAGA CCTTCAAGAG 420
TTTGGTTTTT TCTCCCAGGA AATTGGAAGG TAGAATTGTA AATTCATAGA ACTTCTTTTA 480
TAATGGTGTA CCTCAGCAGC TGCCTTTCAA TTTATGCCAA GTCCTTACAG AGTTTATACT 540
TGAATAGTAA ATATGTCTTC TGAGTTTTAC AGTGTCTTAA ACTCAATGCA CATTTTTTTT 600
TCTTCTTTTT CCACCCCTTC TTGTTTGTAG TTCATTATAC CTGTCCTATT ACAGAACTGA 660
TTTCCTTCCT GGCTGTACAT GTTGGGGTGC TGGATTTTTT TCCGTGTCTT TAGTCTTCGG 720
ATACATGTTC TCTTCTTTAG CTTGTGGTGA ATACAGTAAT TTGCATTG 768

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 43:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
(A) LÄNGE:1029 Basenpaare
(B) TYP: Nukleinsäure
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNAs

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 43:

```
CCCTGCTGTG AAGTCCTGGC AGGTGTTGGT AATGTGTGGA AATGCAGTCA GCAAGTTTGC   60
TGGGGAGTTT GATAAAAGTA TAAAACAAAA CAAAAAAAGC CTCGGTATAA TTTTGTTCCA  120
CGACTTCTTC TGTAGCTTTA CACCAGAAGG AAGGAATGGG CTACAGCAGG TAGTGGAGGA  180
AGAGGGGGGT GAGCAGGTGT ATTAAAATAG CTTACGGGTA AGGCCTAAAA GGTCACCCCT  240
CGGCCCCCTC TCCAAAAGAA GGGCATGGGC ACCCCCAGGA GAGGATGGCC CCAAAAACCT  300
TATTTTTATA CATGAGAGTA AATAAACATA TTTTTTTTAC AAAAATAACT TCTGAATTTA  360
TCAGTGTTTT GCCGTTAAAA ATATTCCTCT ATAGTAAATT ATTTATTGGA AGATGACTTT  420
TTTAAAGCTG CCGTTTGCCT TGGCTTGGTT TCATACACTG ATTTATTTTT CTATGCCAGG  480
CAGTAGAGTC TCTCTGCCTC TGAGGAGCAG GCTACCCGCA TCCCACTCAG CCCCTCCCTA  540
CCCCTCAAGA TTTGATGAAA ATTCCAACCA TGAGGATGGG TGCATCGGGG AAGGGTGAGA  600
AGGAGAGCCT GCCTGCTCAG GGATCCAGGC TCGTAGAGTC ACTCCCTGCC CGTCTCCCAG  660
AGATGCTTCA CCAGCACCTG CCTCTGAGAC CTCGCTCTCT GTTCCAGCAA CCCTGGTTGG  720
GGGGTCAGAC TTGATACACT TTCAGGTTGG GAGTGGACCC ACCCCAGGGC CTGCTGAGGA  780
CAGAGCAGCC AGGCCGTCCT GGCTCACTTT GCAGTTGGCA CTGGGTTGGG GAGGAAGAGA  840
GCTGATGAGT GTGGCTTCCC TGAGCTGGGG TTTCCCTGCT TGTCCAGTTG TGAGCTGTCC  900
TCGGTGTTAC CGAGGCTGTG CCTAGAGAGT GGAGATTTTT GATGAAAGGT GTGCTCGCTC  960
TCTGCGTTCT ATCTTCTCTC TCCTCCTTGT TCCTGCAAAC CACAAGATAA AGGTAGTGGT 1020
GTGTCTCGA                                                          1029
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 44:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
(A) LÄNGE:736 Basenpaare
(B) TYP: Nukleinsäure
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNAs

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 44:

```
ATTCCTGGGT TGAAATATTT TGTAGGGATT GCTTATTATA TTATTTTAGC TGATGAACCT   60
CAGGACAACG GCTACAGACA CACACATACA TACACGCACA CAAAATCTCA GCTGTTGAAG  120
AGTGGGCTTG GAATCAGACT TCTGTGTCCA GTAAAAAACT CCTGCACTGA AGTCATTGTG  180
ACTTGAGTAG TTACAGACTG ATTCCAGTGA ACTTGATCTA ATTTCTTTTG ATCTAATGAA  240
TGTGTCTGCT TACCTTGTTT CCTTTTAATT GATAAGCTCC AAGTAGTTGC TAATTTTTTG  300
ACAACTTTAA ATGAGTTTCA TTCACTTCTT TTACTTAATG TTTTAAGTAT AGTACCAATA  360
ATTTCATTAA CCTGTTCTCA AGTGGTTTAG CTACCATTCT GCCATTTTTA ATTTTTATTT  420
AATTTTATTT GCTTGAGCAC ACTGATCAAC CACTGAACTG CCTTCTTCCA TTGTCCTGCA  480
ATGATATAAG GGTTACATTT TTGTGTATAT GGCTTTCATA GTTGGGATTT CAGAGCACTG  540
ATACCAGATA TTTTCAGTTT GTTCTCTGGG GGAATTTCAT TTGCATCTAT GTTTTTAGCT  600
ATCTGTGATA ACTTGTTAAA TATTAAAAAG ATATTTTGCT TCTATTGGAA CATTTGTATA  660
CTCGCAACTA TATTTCTGTA AACAGCTGCA GTCAAAAATA AAACACTGAA AGTTTTCATT  720
TTGCAGTGGA AAAAAA                                                  736
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 46:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
(A) LÄNGE:1159 Basenpaare
(B) TYP: Nukleinsäure
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNAs

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 46:

```
GGACCGTGTG TCGGCCGTGG CGCTGCCCAA GCTGCCCATC TCGCTCACCA ACACCGACCT   60
CAAGGTGGCC AGCGACACAC AGTTCTACCC TGGCCTCGGG CTGGCCCTGG CCTTCCACGA  120
CGGCAGCGTC CACATCGTGC ACCGGCTCTC ACTGCAGACC ATGGCCGTCT TCTACAGCTC  180
CGCGGCCCCG AGGCCTGTGG ATGAGCCGGC CATGAAGCGC CCCCGCACCG CGGGCCCCGC  240
```

```
CGTCCACTTA AAGGCTATGC AGCTATCGTG GACGTCACTG GCCCTGGTGG GGATTGACAG 300
CCACGGGAAG CTGAGCGTGC TCCGCCTCTC ACCTTCCATG GGCCACCCGC TGGAGGTGGG 360
GCTGGCGCTG CGGCACCTGC TCTTCCTGCT GGAGTACTGC ATGGTGACCG GCTACGACTG 420
GTGGGACATC CTGCTGCACG TGCAGCCCAG TATGGTACAG AGCCTGGTGG AGAAGCTGCA 480
CGAGGAGTAC ACGCGCCAGA CCGCTGCCCT GCAGCAGGTC CTCTCCACCC GGATCCTGGC 540
CATGAAGGCC TCGCTCTGCA AGCTGTCGCC CTGCACGGTG ACCCGCGTGT GCGACTACCA 600
CACCAAGCTC TTCCTCATCG CCATCAGCTC CACCCTGAAG TCGCTGCTGC GCCCCCACTT 660
TCTCAACACG CCTGACAAGA GCCCCGGCGA CCGGCTGACC GAGATCTGCA CCAAGATCAC 720
CGACGTCGAC ATTGACAAGG TCATGATCAA CCTCAAGACG GAGGAATTTG TGCTGGACAT 780
GAACACACTG CAGGGCGCTG CAGCAGCTCT TGCAGTGGGT GGGCGACTTC GTGCTGTACC 840
TGCTGGCCAG CCTACCCAAC CAGGGTTCCC TGCTGAGGCC GGGCCACAGC TTTCTGCGGG 900
ACGGCACCTC GCTGGGCATG CTTCGGGAAT TGATGGTGGT CATCCGCATC TGGGGCCTTC 960
TGAAGCCCAG CTGCCTGCCC GTGTATACGG CCACCTCGGA TACCCAGGAC AGCATGTCCC1020
TGCTCTTCCG CCTGCTCACC AAGCTCTGGA TCTGCTGTCG CGATGAGGGC CCAGCGAGCG1080
AGCCGGACGA GGCGCTGGTG GATGAATGCT GCCTGCTGCC CAGCCAGCTG CTTATCCCCA1140
GCCTGGACTG GCTGCCAGC                                          1159
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 47:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
(A) LÄNGE:690 Basenpaare
(B) TYP: Nukleinsäure
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNAs

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 47:

```
AGAGCGGCCG CCCCTCTTTT TTTCTCTTTC TTTTTTTTTT TTTTTGCATA TCAGAAATGC   60
ATTTTAATTT TTATTTGAAA ACAACTTAAA TTTTTAGACA AATGATTTTA GTATATAAAT  120
TTGCTTTTGT TTTTATACAG AATATAAAGA TTTCCCTCAT TAATCTTCCA TGTGAAGGGT  180
ATTACAAGCC TGGAGGAAGA TACTTTCTGC ACACAAGTAT GTATCTTATG TGTGCAGTAT  240
TGGAAACCAA TGGTGTAGTG CTCCTACACA TAAATGGGGT CAAGTGACAT CACAAATTAA  300
AAGGGGGAAA GAGAAATATT CTAGTTAATC AGATGCAAGA AGCAAACAAG ACGCAAAAAC  360
TGTGCAAATA AGACCAAGCC AGTAACTTTA GTTACGACAC TGCAGATTAC ACTGGAATAA  420
CAGGTTTGTG AGGCTATAGT GTGCACCACA TTAAAACAGC AAGAAAGAGC TATTTATATA  480
GAAAGGCTGG AATGAGGGAT TTTTACTAAA GCAAATTAAC TTCTTGTCAA CTGCCAAAAC  540
AAAACAAAAC TGAGCATATG AGTGTTAGTA TACTGAAGGC ATGTTATACC AGTTTCTGTG  600
CAGCATGCTA AAAGTTAGAA CTTCTTCACT GGTGCTTATC AATCATTAAT AGTCACGTTT  660
```

TTGCCCCTTC TTGCCAAATT TCGAGGCATG 690

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 51:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
(A) LÄNGE:1186 Basenpaare
(B) TYP: Nukleinsäure
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNAs

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 51:

ACCATAGATT TATTTTAAAA GGGAAAATCT CACACATAAT TAAGCAGTGG AAAATGTGCT 60
CAATGCTATG GTGCGTCAGG CCCTCTGTCT ACCAGGTTTC TCCCGCTTTC TGCAGAGCTG 120
TGGACCCTGT ACGTACCAAA CAGGTGAACT TGGTCCATCT TTCCTTCTTC CTTTTTTTGC 180
ACATTTGCAT TTATATCTTC CTGTACTAAA AGAAACAAAT TATTTATAAT TGGGGTGACA 240
ATATAAAGGA ACAAAAGATG GGGCAATAGT TGCTTCCTAG CTGGAGCTGT AAGTCCATGT 300
TACAGAAACT CACTATTTAA AAAGTTTTAA AAGATTTATG AACCTTGTCC TACAATTCGC 360
TGAATACTTA TTTGTCTTTT AAACTCCCCT CGGTGTATGG ATCATCTTCG TCAGAATGCC 420
GTTGTTTCAT TGTGAATCAG GGGAAAATGT TAATCATTTG GAGACTGTTT TCTTATTACC 480
AAATGTACAA TCCATAAGAC AACTGAAAGC AACAACTGCT GGGTTCACTG ACAAAGATTA 540
TAAAAATCAT CACGTTCAAA GTAGAGTTTT TAGCCAAGGT CAAGAACTAA CCTGGGGCTG 600
AGTCAGCGTC TCTACCCACT TAAATAACAG CGTAAAGATC TTTCACTAAA TTCGTTATGT 660
GGTCTGTCTG GATGTAAACC TATATATTTC CTTTTGAAAC AGAATCATAT CCTGCAGACT 720
CTTGGCACTC CTGCATAGCT TTGACCGAAT GTTCACTCTC ATCGTAATGG AAGATTTCTA 780
TCTATGCAGA TAATACATGT TTTTAAATAC TGTTTTCTGT TTAGTCCTCA ATCTTCCTAA 840
CTCAAATTGG GGACTGAGGA GAGAGAAAGG TGGTTACCCC TGTTACCGTG CCATATTCTT 900
CTTGCTGCTT TTCAACCCCA CGTGATTGTT GATTGACGGT TCTGCTATAA TGTGCGTGCC 960
CTTCAAGTTT CAGAAAACTT TCCCAATCAT TTCACTTCAA TCTTAATTGA ACCCAAGAGT1020
CAAAGTTATT ATTTTCTCCG AACGTGTTTG TGATCTTCTG TTATATTTTG GGGCATGTTA1080
CCTTTATGGT ATATAAGCTG TAGTGCATAC TCTTTGTATT GCAAAAAACT GGTCAGTAAT1140
TTATGTACAT GTATTCCACA TTTTAGTGTG CTTGAAGTGA CAATCC 1186

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 52:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
(A) LÄNGE:1029 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNAs

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 52:

GGGAGAAGGA GGAGGCCGGG GGAAGGAGGA GACAGGAGGA GGAGGGACCA CGGGGTGGAG 60
GGGAGATAGA CCCAGCCCAG AGCTCTGAGT GGTTTCCTGT TGCCTGTCTC TAAACCCCTC 120
CACATTCCCG CGGTCCTTCA GACTGCCCGG AGAGCGCGCT CTGCCTGCCG CCTGCCTGCC 180
TGCCACTGAG GGTTCCCAGC ACCATGAGGG CCTGGATCTT CTTTCTCCTT TGCCTGGCCG 240
GGAGGGCCTT GGCAGCCCCT CAGCAAGAAG CCCTGCCTGA TGAGACAGAG GTGGTGGAAG 300
AAACTGTGGC AGAGGTGACT GAGGTATCTG TGGGAGCTAA TCCTGTCCAG GTGGAAGTAG 360
GAGAATTTGA TGATGGTGCA GAGGAAACCG AAGAGGAGGT GGTGGCGGAA AATCCCTGCC 420
AGAACCACCA CTGCAAACAC GGCAAGGTGT GCGAGCTGGA TGAGAACAAC ACCCCCATGT 480
GCGTGTGCCA GGACCCCACC AGCTGCCCAG CCCCCATTGG CGAGTTTGAG AAGGTGTGCA 540
GCAATGACAA CAAGACCTTC GACTCTTCCT GCCACTTCTT TGCCACAAAG TGCACCCTGG 600
AGGGCACCAA GAAGGGCCAC AAGCTCCACC TGGACTACAT CGGGCCTTGC AAATACATCC 660
CCCCTTGCCT GGACTCTGAG CTGACCGAAT TCCCCCTGCG CATGCGGGAC TGGCTCAAGA 720
ACGTCCTGGT CACCCTGTAT GAGAGGGATG AGGACAACAA CCTTCTGACT GAGNAAGCAG 780
AAGCTGCGGG TGAAGAAGAT CCATGAGAAT GAGAAGCGCC TGGAGGCAGG AGACCACCCC 840
GTGGAGCTGC TGGCCCGGGA CTTCGAGAAG AACTATAACA TGTACATCTT CCCTGTACAC 900
TGGCAGTTCG GCCAGCTGGA CCAGCACCCC ATTGACGGGT ACCTCTCCCA CACCGAGCTG 960
GCTCCACTGC GTGCTCCCCT CATCCCCATG GAGCATTGCA CCACCCGGTT TTTCGAGACC1020
GTGACCTGG 1029

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 53:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
(A) LÄNGE:985 Basenpaare
(B) TYP: Nukleinsäure
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNAs

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 53:

```
ATCACTCTTT CTCAGCTCGA CTGGAGTTTC TGCACCTTTG CAGGGGCAAA GTAAGTCCCT   60
GCACCCTGAA CCACCCCCCA TTCCTGTTCA TTTCAGCAGA TAATGATGGA GGGGGGGGGG  120
TGTCCATCGT GCTGAGGGTG TGACCGCAAG AGGGTGAAAA CTTCCAGCCA ACTTTCTCAG  180
TCCTTTCTCT TGCGAGAGGG AAGCCACCTG CTATACAAAC TAATACCCCC TGCCTTGACC  240
CCTTCCCCAC GACTCAGTTG ACAGAAGGAT ATACTTTGTT ATAACTTATT ATTTTGTTCT  300
CTGTAAATAC AAGATGTTTA TAGGAAATAT GTATTCTGAA CTCTATCTGC AGAATGAGTC  360
ACTACACCAA AATAGTTCTA TTATTTAGAA TGTGTTAATT TTAAAGGGAC CTGATAGGTA  420
TTTATTTACA TATGCGATCC ACATTTGTGT GAAAGCATGT GATCATACTA ACCCAGCCTC  480
CTGGAATGTC GCTGTACGAT GATTGATGTC TTTTTCTCAG TCCATAGTTA CAATTGTTTA  540
GTATGCTAAT CAGTCCAGTT CCCTGAGGTT TAAGATCAAA TATAAATTAC TCTGCTTTTC  600
GACTCATTCA GGTAGCATTG TACCTGAACC TGATTGCTAC TTTTTCATCT TAAATATTAT  660
ATTTCCTCAT CTAATCTGCC TTCCCCTCAT CCACAGACAT TTGGAGAAGG AAATGGGAGG  720
GTGTCTGTTA TCCCTTTCTC TTTGCTTTGT CCCCGTTGTT AGACTGGCAG CGTCAGTTGC  780
TCGGTGGGCT TGGTTAGAGC CGTGGGTGAG GCAGGTGGCT GGCGGGGACA GGGAGAGGCT  840
GAGAGGGAAG TGGTGGCATT TACTGCTCTG ACACTTCCAC TGTCCCTGCT GGGGATGCTG  900
GGGCCAAGGC CTGTGGGGCC TGTGAACTGC ACAGCCAGGA GCAAGGAACC CACTAAATAC  960
TCCGTCACTG CATGTCCCCT CTACA                                        985
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 54:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
(A) LÄNGE:622 Basenpaare
(B) TYP: Nukleinsäure
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNAs

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 54:

```
ATGTTTTTCA TTTTTTTCAT GTTATCTATC CAAGCACTGT TCCATGGTCA GCAAGTCATA   60
TTTCATAATG TGGATTTTCC AAAATAATTA TTGAATACAG CTATTCTATG GCTACTTTTA  120
GTGTTTTTGT GGTATGTGGT GTGGGAGTGT TTATGGAATT ACCAGTATCT TAAATTTTCA  180
AAGGAACCTT GGAAGTCTAT CACTCTAAAT GAAAGTCTGT CACTCTACAT GAATTATGTG  240
CTCAAATTTG ACCAACTCAG TTTAAGACAC AAAACAGTAA TTTGAAGAAG GAAAAATGAA  300
GAGAGTTTCT AGTTTAATGG GTTAAATTTT TGTTGTTGCA ATAGTAAGTT TAGTCTTCTT  360
ATAATATTTC TAAATGAAAA ATCATAGGTA TTTGTTACCA TGTGTGAAGA TTACTTTGTT  420
AAAAGCAAAA GTGGTCGTGT GATATGCTAA ATGTTAATTA CTGATTTTAT ATGTTTAAAT  480
CACGCCAAAC AAATTATGTC TGTGCCATCC AGGGTCTGTT GTTAATCTTT TTCTGAGTAC  540
TTGGATTGGG ATAAAGGGCT TGTACTATGC ACTTTTTATT AATGAATAAA TAGAAAACGT  600
TAGTAACAAA AAAAAAAAAA AN                                            622
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 55:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
(A) LÄNGE:1129 Basenpaare
(B) TYP: Nukleinsäure
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNAs

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 55:

```
GATTTTTATC TAGAAACTAT ATTTACTTAA ACCCCCCTCA GGAAAGAGGT TTTAAAATCA   60
AAGATGGGAA AATCGGAGAA AATTGCCCTT CCCCATGGCC AGCTTGTTCA TGGTATACAC  120
TTGTATGAGC AACCAAAGAT AAACAGACAG AAAAGCAAAT ATAACTTGCC ACTAACCAAG  180
ATCACCTCTG CAAAAAGAAA TGAAAACAAC TTTTGGCAGG ATTCTGTTTC ATCTGACAGA  240
ATTCAGAAGC AGGAAAAAAA GCCTTTTAAA AATACCGAGA ACATTAAAAA TTCGCATTTG  300
AAGAAATCAG CATTTCTAAC TGAAGTGAGC CAAAAGGAAA ATTATGCTGG GGCAAAGTTT  360
AGTGATCCAC CTTCTCCTAG TGTTCTTCCA AAGCCTCCTA GTCACTGGAT GGGAAGCACT  420
GTTGAAAATT CCAACCAAAA CAGGGAGCTG ATGGCAGTAC ACTTAAAAAC GCTCCTCAAA  480
GTTCAAACTT AGATTTCAGA TTTCAGTATG TGTGTAAAAC ATAATTTTTC CCATATCCCT  540
GGACTCTTGA GAAAATTGGT ACAGAAATGG AAATTTGCCT TGTTGCAACA TACAATTGCA  600
AAAGATGAGT TTAAAAAATT ACATACAAAC AGCTTGTATT ATATTTTATA TTTTGTAAAT  660
```

ACTGTATACC ATGTATTATG TGTATATTGT TCATACTTGA GAGGTATATT ATAGTTTTGT 720
TATGAAAGTA TGTATTTTGC CCTGCCCACA TTGCAGGTGT TTTGTATATA TACAATGGAT 780
AAATTTTAAG TGTGTGCTAA GGCACATGGA AGACCGATTT TATTTGCACA AGGTACTGAG 840
ATTTTTTTCA AGAAACAGCT GTCAAATCTC AAGGTGAAGA TCTAAATGTG AACAGTTTAC 900
TAATGCACTA CTGAAGTTTA AATCTGTGGC ACAATCAATG TAAGCATGGG GTTTGTTTCT 960
CTAAATTGAT TTGTAATCTG AAATTACTGA ACAACTCCTA TTCCCATTTT TGCTAAACTC1020
AATTTCTGGT TTTGGTATAT ATCCATTCCA GCTTAATGCC TCTAATTTTA ATGCCAACAA1080
AATTGGTTGT AATCAAATTT TAAAATAATA ATAATTGGGG CCCCCCCTT 1129

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 58:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
(A) LÄNGE:877 Basenpaare
(B) TYP: Nukleinsäure
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNAs

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 58:

CACACTGAGG GTTTTTAACA CCATTCTCCC CCACTTCTCT CCTGGGTGAC ATAAGAGAGA 60
AATAACCTGT AGTACAGCAG CTAAAGTATT CTCCTTTCAG AGAATTTTTT TGGAGGTCTC 120
TAATATATAT TTCCCCCTTG TCTCTGTGAT CTCTTATTTA TACTATATTA TTGTCCCATG 180
TACTTTCTAA ACTGAGCTTG GAACATTTAG TATTCCTGCA ATTGGACTTC CCACTTAACA 240
ATTATACAGA CTTTGCTTTT AGAAATAGAT TAGGTTCCAA ACAGAAAGTT CAAGTGTAAC 300
AACAACAATA AAAATAGATT ATGAAACAGG CTATAATTGG CTCTTTTGGA TTTGATAGGG 360
GCAAGATGAA AGGCAACTTT CTTGCTTTTG AAATCATGTT GGGTAAGAGG TAAGGAATCC 420
AGCTACAATT TTATTAGTGC TTGAAACGGG CTTCCTTGAA TTCTCCAGGC CCTATCATTT 480
TTTTTTTTCT TACTAATCAG AAGAGAGCTG GGGTAGAAGC CCCATGTTTG TATTCCATGA 540
AACACGTCGG GTTGGAGTAA AGGCAAAAAC AGCTAGACAC ACCAGGTGTG TCTGTTTGAC 600
ATTTATAAGC TGGCACTCAT CAACACTCCT GTTTCTCCTT TCTCTGGGAC GTGTGGATTA 660
AGGGGTGTGA GTTGTGGGAA GAATTGCCCT CGTACCTCCT GGATTTATTA TTTTTCTCAA 720
ATACCAACCA GTAAGATCCC AAATAACTTG AGAAAAATTG TTTCCTGATC TGTCCACTTC 780
TGGTGTCAAA GATTTTACTC ATCTTCTTAG TACATTCTAT GTATTTTATA TGTATAATTT 840
TATACAATTA AAAATAGATT TTTGTCTAGT GAAAAAA 877

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 59:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE:1329 Basenpaare
(B) TYP: Nukleinsäure
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNAs

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 59:

```
GTCGGGGAGC GCGGGGCCGG GGCCCAGGGG ACCCCGGGCC ACGGAGAGCG GGAAGAGGAT   60
GGATTGCCCG GCCCTCCCCC CCGGATGGAA GAAGGAGGAA GTGATCCGAA AATCTGGGCT  120
AAGTGCTGGC AAGAGCGATG TCTACTACTT CAGTCCAAGT GGTAAGAAGT TCAGAAGCAA  180
GCCTCAGTTG GCAAGGTACC TGGGAAATAC TGTTGATCTC AGCAGTTTTG ACTTCAGAAC  240
TGGAAAGATG ATGCCTAGTA AATTACAGAA GAACAAACAG AGACTGCGAA ACGATCCTCT  300
CAATCAAAAT AAGGGTAAAC CAGACTTGAA TACAACATTG CCAATTAGAC AAACAGCATC  360
AATTTTCAAA CAACCGGTAA CCAAAGTCAC AAATCATCCT AGTAATAAAG TGAAATCAGA  420
CCCACAACGA ATGAATGAAC AGCCACGTCA GCTTTTCTGG GAGAAGAGGC TACAAGGACT  480
TAGTGCATCA GATGTAACAG AACAAATTAT AAAAACCATG GAACTACCCA AAGGTCTTCA  540
AGGAGTTGGT CCAGGTAGCA ATGATGAGAC CCTTTTATCT GCTGTTGCCA GTGCTTTGCA  600
CACAAGCTCT GCGCCAATCA CAGGGCAAGT CTCCGCTGCT GTGGAAAAGA ACCCTGCTGT  660
TTGGCTTAAC ACATCTCAAC CCCTCTGCAA AGCTTTTATT GTCACAGATG AAGACATCAG  720
GAAACAGGAA GAGCGAGTAC AGCAAGTACG CAAGAAATTG GAAGAAGCAC TGATGGCAGA  780
CATCTTGTCG CGAGCTGCTG ATACAGAAGA GATGGATATT GAAATGGACA GTGGAGATGA  840
AGCCTAAGAA TATGATCAGG TAACTTTCGA CCGACTTTCC CCAAGAGAAA ATTCCTAGAA  900
ATTGAACAAA AATGTTTCCA CTGGCTTTTG CCTGTAAGAA AAAAAATGTA CCCGAGCACA  960
TAGAGCTTTT TAATAGCACT AACCAATGCC TTTTTAGATG TATTTTTGAT GTATATATCT 1020
ATTATTCAAA AAATCATGTT TATTTTGAGT CCTAGGACTT AAAATTAGTC TTTTGTAATA 1080
TCAAGCAGGA CCCTAAGATG AAGCTGAGCT TTTGATGCCA GGTGCAATCT ACTGGAAATG 1140
TAGCACTTAC GTAAAACATT TGTTTCCCCC ACAGTTTTAA TAAGAACAGA TCAGGAATTC 1200
TAAATAAATT TCCCAGTTAA AGATTATTGT GACTTCACTG TATATAAACA TATTTTTATA 1260
CTTTATTGAA AGGGGACACC TGTACATTCT TCCATCATCA CTGTAAAGAC AAATAAATGA 1320
TTATATTCA                                                         1329
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 60:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
(A) LÄNGE:697 Basenpaare
(B) TYP: Nukleinsäure
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNAs

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 60:

```
GTAGGCGCTA GTCTGGGCGC AGAGGTTTCT GGGAGCCAAG AGTGGTAATG GCGTCTGTAT   60
GATCTTCGGA GCCTGCTGCA TCGGACCTCG GCCAGTCATA AAAGATGACA ACAGCAGCCA  120
GGCCAACCTT TGAACCTGCC AGAGGTGGAA GGGGAAAAGG AGAAGGTGAT TTGAGCCAAC  180
TTTCAAAGCA GTATTCAAGC AGAGACCTAC CCTCTCATAC AAAGATAAAA TACAGACAGA  240
CTACTCAGGA TGCCCCTGAA GAGGTTCGTA ACCGTGACTT CAGGAGAGAG TTGGAAGAAA  300
GAGAGAGAGC TGCTGCAAGA GAGAAAAATA GGGATCGTCC AACCCGAGAA CATACAACCT  360
CCTCTTCAGT GTCAAAAAAG CCACGGTTAG ACCAGATTCC TGCCGCCAAC CTTGATGCAG  420
ATGACCCTCT AACAGATGAG GAAGATGAAG ATTTTGAAGA AGAAAGTGAT GATGATGATA  480
CTGCAGCTCT TCTTGCAGAA CTGGAAAAAA TTAAAAAAGA AAGAGCTGAA AAGGGCCAAG  540
GCCCAGGGAA GGGACCAAGG GCCAAAAAAG CTTTAAGGGG GGGAAGGGTT TCGTTTTGGG  600
AAAACATTGG TTGGGCGGGA AACCCTTTCC CTTTAATCTT GAGCTTGGCC CATTCCAAGC  660
TTAAGGCCGA CTTTGAAAAG TTTGAAAGGA GGGTGGG                            697
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 61:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
(A) LÄNGE:1389 Basenpaare
(B) TYP: Nukleinsäure
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNAs

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 61:

```
CGAAGAATAG AATTGGCCAG GACCTAGGTT CTCATATTCT TGGTATTCCT CCTGGATGGA   60
AAGGCTGTTG GCATCAATAG GGGACAGAGG CTGATGCTGG AGTGGCCAGT AGAGGTGGTG  120
GAGCAGAGCA GCCATCTTTT AAGTGGGGCT GTATCAGGCT GGGTTTATTT AAAAGCAACA  180
AAATGTTTTG GTTAAGAAAA TTATTTTGCT TTCAGTGTAA ATCTTCGCAG TGTTCTAAAC  240
AAAGTTCAGT CTTCTGCTCG CCCCTTTCCC TCACTGATGT CTGCACTTGG TTGAGGTCTC  300
CTGGAGCCTC ACAGGCTCTG CTGTTCTCCA CTTCTCACCT GCCATCCACG CCCTGCAAGC  360
TCATGCAAAC ACCCTTTCTT CCTCCTGCGG CAGAGTTGTT CAGGTTGCCT GGGCAGGGGC  420
TTAAACAGTG CCAGCCCCTG CCATCCCAAA GCTATTGTTA AGCCCCCCAG GCGTCCTCCA  480
CCCACGCCCA CTAGCCTGCC ATGTCCACAG TTCCTTGGGC TGCTGAGGGG CTAGTGCAGT  540
GGTCCTGACC TCTCTTATCA AGAGCACACT TCTTTGCTGG TTGCTCCTTT TGAGCATATG  600
CGTGTGATTA TTTGGAACAG TTAGACTTGC CACGTTGGGT CAGTTTTAGA AATTGTTTCT  660
AGCTAGAGGG ACTGGTGTCC TTCCAAGTCT AGCATTTGGG GTATGGAAAA TTGTTGTGGT  720
GTGTGGTAGG GTTTTTGTTT TCTTTTTTGA GTTTTTTTTC CCCCTTTAGT CTCCTGGCTT  780
TTTCCTTTCC CTTCCCTTCT CCACTGGCCN AGCTTGGGCC TCATCCTCAT GTCATCCTTC  840
TAGGAAGGCG CCTGCCCCAT CTTGTCTGCC GGCAGCATGC ATCCAAGGCC AGAGCTCAGG  900
CCTGCAGACT GGGCTGGTGC CTCCTCCGCT TCAGGGTATG GGAGTTGGTG AAGGGGCTTT  960
CAAAAAATAA TAAGAAAAAA AAGGTAAAGT CTTTGGTAGC TTCTATCCAC TCAGATCCTG 1020
GAAGGCAGCA AGGTTTTGTG GATCTAGATT CATTAGGAAT GTCTTCTTGT CAGCCAGGCC 1080
AGGACCCGGG CTTGCCAAGA GCAGAGGCCC TCCCAGCAAC CAGGATACCA CCACTTTGGG 1140
GGCTTTGTGT ACAGAGGTCC GGGTCTGAGA CCTCATAGGC TGCAGAAATC TGGGGCAGCC 1200
ACCATCAAGA AGCCCCTCTC AGGGGCCAGA ACTCCTTTGC CAGCGTGGAT TTCTCAAGTC 1260
GGGACTGCAT AATTAAAGCA GTTGCAGTTT TATTTTTTTT ACAGCTTTTT TCCCAAAAAT 1320
GATTTGTAGT TGTGTGTGCA GCACTTCGCC CTGATATGTG TGCTCTACAA TAAAAACCAA 1380
ATCTAATAT                                                         1389
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 62:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
(A) LÄNGE:535 Basenpaare
(B) TYP: Nukleinsäure
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNAs

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 62:

```
TGTATTGAGG TAATAAATTG TTTTACTGAC AATTTTTCCT TTTTCTACAC TAAAACAATA   60
TGTGATATAT TTCCCCTCTT GAAGAGGCAA TTCATTAAAC TCTCAAATTT TCTATAGAAT  120
CAAGATAGAA CCTTTAGATA CTCCAACTCA CCAAAATGTA AAAAAACTAA CAAAAATATT  180
TGGTCTTCAA TAATGCTAAA TATCTACATT TTTAGAATTT ATCAACATTT AACTAGATAA  240
TTGGGCATGT CTTAATTATG CATGTACTTA TCCATACTAA TAAAATTGAC AATGCTAGTG  300
CATACTTATT GGTTTAGTCC TATTATCAGG ATATAATCAT CTGTGAGGAG GATATTTTAA  360
ATACTGTAAA TGATAACAGT TAATGATATA CACATTTAGA CTGAGTTGCA CACTGGCAGG  420
GAGACCAAAA ACATTACTTC CATACTTGTG TCATGATTCT TTTTTTTTTG AGAGAGTCTC  480
ACTCTGTCGC CAGGCTGGGA GTACAGTGGC ATGATCTCGG CTCACTGCAA CCTCT       535
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 63:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
(A) LÄNGE:1098 Basenpaare
(B) TYP: Nukleinsäure
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNAs

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 63:

```
GTGATTTGAC ATTTGAACAA ATTAGGAAGC TGAATCCTGC AGCAAACCAC AGACTCAGGA   60
ATGATTTCCC TGATGAAAAG ATCCCTACCC TAAGGGAAGC TGTTGCAGAG TGCCTAAACC  120
ATAACCTCAC AATCTTCTTT GATGTCAAAG GCCATGCACA CAAGGCTACT GAGGCTCTAA  180
AGAAAATGTA TATGGAATTT CCTCAACTGT ATAATAATAG TGTGGTCTGT TCTTTCTTGC  240
CAGAAGTTAT CTACAAGATG AGACAAACAG ATCGGGATGT AATAACAGCA TTAACTCACA  300
GACCTTGGAG CCTAAGCCAT ACAGGAGATG GGAAACCACG CTATGATACT TTCTGGAAAC  360
ATTTTATATT TGTTATGATG GACATTTTGC TCGATTGGAG CATGCATAAT ATCTTGTGGT  420
ACCTGTGTGG AATTTCAGCT TTCCTCATGC AAAAGGATTT TGTATCCCCG GCCTACTTGA  480
AGAAGTGGTC AGCTAAAGGA ATCCAGGTTG TTGGTTGGAC TGTTAATACC TTTGATGAAA  540
AGAGTTACTA CGAATCCCAT CTTGGTTCCA GCTATATCAC TGACAGCATG GTAGAAGACT  600
GCGAACCTCA CTTCTAGACT TTCACGGTGG GACGAAACGG GTTCAGAAAC TGCCAGGGGC  660
CTCATACAGG GATATCAAAA TACCCTTTGT GCTAGCCCAG GCCCTGGGGA ATCAGGTGAC  720
TCACACAAAT GCAATAGTTG GTCACTGCAT TTTTACCTGA ACCAAAGCTA AACCCGGTGT  780
TGCCACCATG CACCATGGCA TGCCAGAGTT CAACACTGTT GCTCTTGAAA ATCTGGGTCT  840
GAAAAAACGC ACAAGAGCCC CTGCCCTGCC CTAGCTGAGG CACACAGGGA GACCCAGTGA  900
GGATAAGCAC AGATTGAATT GTACAATTTG CAGATGCAGA TGTAAATGCA TGGGACATGC  960
```

ATGATAACTC AGAGTTGACA TTTTAAAACT TGCCACACTT ATTTCAAATA TTTGTACTCA1020
GCTATGTTAA CATGTACTGT AGACATCAAA CTTGTGGCCA TACTAATAAA ATTAATAAAA1080
GGAGCACTAA AGGAAAAA 1098

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 64:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
(A) LÄNGE:1860 Basenpaare
(B) TYP: Nukleinsäure
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNAs

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 64:

TAAGATCCTG ACTCTGAAGC TTCAAAGTGA CACTGTGGAA ATCTGAAACG AGGGGATGTC 60
ATGAAGGCAG CTTTTCTTTT TCTGAGGAAA AAATAGGCAT GGGCTACAGG ACTATTTAAA 120
ATGTCTCATT TACAGTATAA AACTCAAAGG TAGATGTAAT TTTTACACCT ATGAGTATTT 180
GTCCAATTTC TGTCTCTTCC TCACCATTGG GTATCTATTC TTTATATGTA AATAAGATAA 240
GGTCATCTGA TAGCCTTATT CAGTCTTCAT CATTTTCATC ATTGTTCCTA TGTAGATTAT 300
TGGACATTTA TTGTAGCACT ACATAACTGA TTATAAAAAT CTGTAAATGA ATTAGCACTT 360
TCATATTGAA ACAAGCCTGC TAGCCTATGT ATAAAATAGC AAAATGTTTG CTGTTTATAA 420
AAAGATGTAA TGGGGTGGGG GGCAGGGGTA ATTTCAAGTT ATTAATTTAA AAATGAACTA 480
GCAATTTTGT ACCTGGTGAC TTTGTGGTGC ACTCACCTCT GATAGTGACT TGAATTCGGT 540
ATGTAAAAAG GGGTTAGTGG TATTTCATTG CTGCTAAAAA TGACAACTCC CTCTGTGTCC 600
TGTTTTTCTT AAAGCTGTCA GTGTACAAGT GGGTATTTGA ATACCAGACC TTACTGTAAA 660
AAATAAAAAA GGTGGTATCT AGAGCATGTA AATTGGATAT AAAGTTCTGC TCTTAAAGAG 720
TTGATCTAAG AGTATGGCTA AACATCTATA TATGCAATCT ATTAAAAGAA CTTAATTCGG 780
CTATTATGTC TTGATTTGAT TGCAGTTTTT TCCTAATTAT AACAAATTTT TCCTCATTGG 840
CCTGTTTTTA ATCCTGTGCC TAGAAGGAGT ACAAAATGCA CACTTTACAA AATTGATATT 900
TAACACTTAC CCACTCCCCT TTCCCCATCT CTTCTACCGC TCTTGTTGAT CGTGGTATCT 960
GATCTTGACT AGATAGGCTG AAGGCACATG GTTCCCTCCA AAAACCACTA TTGATACCAC1020
TACAAAAACA AGCCAGCAAA AAGATACTGT AGAGAGGTTG GCTTGCTTCC CTCTCTTCCT1080
AACTGCATGT TGAAAAATAA GCCGTTATTG ATCTTAAACA TCGGTCAGAT GAGTCATACA1140
TTGGGTTATT TTTTATATAC ATGTATACAC AAAATATTTC AAATTGAAAG CAACATCTTA1200
ATGGATTCAA AACTATTACA AGCTGTTGTC TAAAACAGGT GAGAAAAAAA TTTATAACTG1260
TAAAAACAAA TGCACATATT GATATTTAAA ATGCGTAATT AAGAAAACCC ATTGTTGTTG1320
TGTTTTTCTT GTATACCAAT AATTAAGCCA CTACTGTTGG CACTGTTTGG TTTTCTATTT1380
TAACACTGAA GGAGTGAAAG TATTTCCTAT ATTTATGAAT TTACTACTAA AATCTTGGCA1440

AAAAAAGAAA AAAATTGTCT AACGTGTGTG GGTGAAAACT GTTAATCAAG TGTTTCTACT1500
CCCCCCCGAA AATCCCCTGA AAGTTGGACA CCAACTGTAT ACCCTAGGTT GCTTAAAGGG1560
ATTTCACTAT TATATAAAGT CAATAAAAAT GAAGTAGTTG TATATATGCA ACATTGTGTA1620
CAGAGGGGAA ATAATGAATA GTATTAAAGA AACATTCTCG TCTTCCTTTA CCTTTAATCC1680
CCTAATACCT AGTCTACTTT TTAAATTTTC AGACTTCACT GCTTTTTGAA TTCATAATTC1740
TAATTTTCAC ATTATTGTTA ATGGAAAATC ATATCTAATA AAGGTTTTAG TTATTCCCAT1800
GCACAGTATG AAAATTCTCA TTTGCTGAGG TTTTGTTTCA AGAAAATGTA TTGGCATGTC1860

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 66:

(A) LÄNGE: 205 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 66

CRTWSILRGR MWLSTNSAAD AINPWPGRSS RPRSRAAVPH RLLHLPPVCA ELQGQQFYSL 60
EGAPYCEGCY TDTLEKCNTC GEPITDRMLR ATGKAYHPHC FTCVVCARPL EGTSFIVDQA 120
NRPHCVPDYH KQYAPRCSVC SEPIMPEPGR DETVRVVALD KNFHMKCYKC EDCGKPLSIE 180
ADDNGCFPLD GHVLCRKCHT ARAQT 205

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 67:

(A) LÄNGE: 150 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 67

AARALKRPFP SGPPLRDRSP SLESQSRKTP RLPEDLASGK KDYTFQRPLR RRDRKRRASR 60

VSLRVDPSDH GGPGVVADEV PHQGKCGWGR RLPGVRPGAA GAQRQEPGSP TEGWGGGPPR120
HVPVQPVRVS ADRPADTPAP SPSKDLLSHP 150

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 68:

(A) LÄNGE: 55 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 68

LLECRHHDGD VSSVGGPLQG PRVLQGGLGV CEGAHQVASQ QGRLPRPERA GLPLT 55

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 69:

(A) LÄNGE: 182 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 69

SVHFPAALRC ETAALLWSLR AARHHDSQRT LRRARKTTPS RGLCGAATGS GGRAECPCAW 60
IRATMVARVW SLMRFLIKGS VAGGAVYLVY DQELLGPSDK SQAALQKAGE VVPPAMYQFS120
QYVCQQTGLQ IPQLPAPPKI YFPIRDSWNA GIMTVMSALS VAPSKAREYS KEGWEYVKAR180
TK 182

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 70:

(A) LÄNGE: 25 Aminosäuren

(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 70

PEDSGLGPHS EGRPPDCRPN KGLQK 25

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 71:

(A) LÄNGE: 56 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 71

DEKNTSFLYS DVGATSMKSV LYESYTKMGR HLVNCARYLK CMFRKAFYQL RNMTYF 56

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 73:

(A) LÄNGE: 291 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 73

```
LERLVDIKKG NTLLLQHLKR IISDLCKLYN LPQHPDVEML DQPLPAEQCT QEDVSSEDED 60
EEMPEDTEDL DHYEMKEEEP AEGKKSEDDG IGKENLAILE KIKKNQRQDY LNGAVSGSVQ120
ATDRLMKELR DIYRSQSFKG GNYAVELVND SLYDWNVKLL KVDQDSALHN DLQILKEKEG180
ADFILLNFSF KDNFPFDPPF VRVVSPVLSG GYVLGGGAIC MELLTKQGWS SAYSIESVIM240
QISATLVKGK ARVQFGANKS QYSLTRAQQS YKSLVQIHEK NGWYTPPKED G         291
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 74:

(A) LÄNGE: 253 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 74

```
RSVVRRCLKM AAEEPQQQKQ EPLGSDSEGV NCLAYDEAIM AQQDRIQQEI AVQNPLVSER 60
LELSVLYKEY AEDDNIYQQK IKDLHKKYSY IRKTRPDGNC FYRAFGFSHL EALLDDSKEL120
QRFKAVSAKS KEDLVSQGFT EFTIEDFHNT FMDLIEQVEK QTSVADLLAS FNDQSTSDYL180
VVYLRLLTSG YLQRESKFFE HFIEGGRTVK EFCQQEVEPM CKESDHIHII ALAQALSVSI240
QVEYMDRGEG GTT                                                   253
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 75:

(A) LÄNGE: 108 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 75

```
EKFLNMGAPL GVGLGLVFVS SIGIYVSSTY PPVAGATLYS VAMYGGLVLF SMFLLYDTQK 60
VIKRAEVSPM YGVQKYDPIN SMLSIYMDTL NIFMRVATML ATGGNRKK              108
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 82:

(A) LÄNGE: 164 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 82

```
MHRDSCPLDC KVYVGNLGNN GNKTELERAF GYYGPLRSVW VARNPPGFAF VEFEDPRDAA  60
DAVRELDGRT LCGCRVRVEL SNGEKRSRNR GPPPSWGRRP RDDYRRRSPP PRRRSPRRRS 120
FSRSRSRSLS RDRRRERSLS RERNHKPSRS FSRSRSRSRS NERK                   164
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 83:

(A) LÄNGE: 138 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 83

EAALTLCHLL SSWVSLESLT LSYNGLGSNI FRLLDSLRAL SGQAGCRLRA LHLSDLFSPL 60
PILELTRAIV RALPLLRVLS IRVDHPSQRD NPGVPGNAGP PSHIIGDEEI PENCLEQLEM120
XISTGSPASP TAVLRSEGLG FSAAAVPG 148

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 90:

(A) LÄNGE: 145 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 90

EDGADGAFYP DEIQRPPVRV PSWGLEDNVV CSQPARNFSR PDGLEDSEDS KEDENVPTAP 60
DPPSQHLRGH GTGFCFDSSF DVHKKCPLCE LMFPPNYDQS KFEEHVESHW KVCPMCSEQF 120
PPDYDQQVFE RHVQTHFDQN VLNFD 145

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 91:

(A) LÄNGE: 282 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 91

DKSSACRRNG NYSDEKKDAM YWEKRRKNNE AAKRSREKRR LNDLVLENKL IALGEENATL 60
KAELLSLKLK FGLISSTAYA QEIQKLSNST AVYFQDYQTS KSNVSSFVDE HEPSMVSSSC120
ISVIKHSPQS SLSDVSEVSS VEHTQESSVQ GSCRSPENKF QIIKQEPMEL ESYTREPRDD180
RGSYTASIYQ NYMGNSFSGY SHSPPLLQVN RSSSNSPRTS ETDDGVVGKS SDGEDEQQVP240

KGPIHSPVEL KHVHATVVKV PEVNSSALPH KLRIKAKAMQ IK 282

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 92:

(A) LÄNGE: 92 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 92

MASLGHILVF CVGLLTMAKA ESPKEHDPFT YDYQSLQIGG LVIAGILFIL GILIVLSRRC 60
RCKFNQQQRT GEPDEEEGTF RSSIRRLSTR RR 92

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 93:

(A) LÄNGE: 140 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 93

WTGTGRGAVA IMADPDPRYP RSSIEDDFNY GSSVASATVH IRMAFLRKVY SILSLQVLLT 60
TVTSTVFLYF ESVRTFVHES PALILLFALG SLGLIFALTL NRHKYPLNLY LLFGFTLLEA 120
LTVAVVVTSM MYILSASFHT 140

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 97:

(A) LÄNGE: 51 Aminosäuren

(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH
:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 97

FFPLLLPLHT PVAGRNLGFP ESLGVPPFLP HPGGTPRAPG LFLLLFSFWA V 51

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 98:

(A) LÄNGE: 53 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH
:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 98

FFLYSFPFTP PWLEGTSASL KAWGSHPSYP TREERPGPRA CFSSCFPFGQ FDH 53

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 99:

(A) LÄNGE: 52 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH
:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 99

PLDCATFVFV FLNFFKPRMI SPASFSSPSS QTEFKGHFSS SFWHLQPQSG IF 52

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 100:

(A) LÄNGE: 122 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH
:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 100

PFSSSVSFFG TAPSCLLEGW ILVCALDRYR INTCALRTGS PRFIQSAHYR KLLCQNPGKD 60
PTPGSPSSLL TSTRAVLLFF ILLFYCFCCG HYHWQSSFSP FLDIGVLSLK DSTLRLKVPK120
AA 122

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 101:

(A) LÄNGE: 126 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH
:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 101

LFFFCFLFWD CAIMFIRRLD FGVCSRQIQN KYLRLENRKS TIHTKCSLQE VAVSKSRQGP 60
NSGQPLLPAD LNKGCAIVFY FIILLLLLWS LSLAKFLFPF PGHRGPVFKR FHSEAEGAKS 120
CLRSGL 126

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 102:

(A) LÄNGE: 73 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH
:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 102

IDFEGKERGK GQGRDTPPLP LSWAQKLGGG RERIFTFFKL LFSEWNKLGQ GAQALSSVPH 60
TPLLRSFIQK NIS 73

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 103:

(A) LÄNGE: 144 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH
:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 103

ILRGRREGRV RVETPLPCPF PGPRSWGEGG KGFLHFLNCY FLNGTSWAKG PRPCPLSLTP 60
LCSVHSFKKT FLEHLLCPAY ARPTS*VCVG GLYASSSVPP CPSFTGAFGG SVGGGTFCGV 120
WGSPGSPTKL SPSPVPTHLL QPPA 144

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 104:

(A) LÄNGE: 116 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 104

CRPTIFTPRP PALGEGSTTT SPLDIPLGTG MWVPLTVRPW GEPKALTSGI AMLGGGASET 60
VGRQDILGAA PSQQGIRQGA VGDGLAQGKG TAWSGFLEIP KPHRRSHLLQ IPQRHR 116

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 105:

(A) LÄNGE: 22 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 105

RMGKEALMSW RRDPPHTLSW WA 22

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 109:

(A) LÄNGE: 165 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:109

```
GAGPWEAFPD GIGRRSRRAR LPQYKRPPGG GGGGDSGRRN MAVADLALIP DVDIDSDGVF  60
KYVLIRVHSA PRSGAPAAES KEIVRGYKWA EYHADIYDKV SGDMQKQGCD CECLGGGRIS 120
HQSQDKKIHV YGYSMAYGPA QHAISTEKIK AKYPDYEVTW ANDGY1                 65
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 111:

(A) LÄNGE: 33 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 111

```
PSSPSLPVLR AGLRPFCDVL PGCGCVRFLC SCL                               33
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 112:

(A) LÄNGE: 31 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 112

ETCAGAGRCA ADGGNGSGSR VPPASRCCAL G 31

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 113:

(A) LÄNGE: 67 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 113

KRAQAPAAAL QMAEMDPVAE FPQPPGAARW AEALLRCFTW LRLCQISMFL SLKCLNTRSS 60
HLGAHCR 67

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 114:

(A) LÄNGE: 246 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 114

GCVAGSAGLS RKSPWTEVET ETFLGSPRYS RRVRSCYWLL GLMAVRASFE NNCEIGCFAK 60
LTNTYCLVAI GGSENFYSVF EGELSDTIPV VHASIAGCRI IGRMCVGNRH GLLVPNNTTD 120
QELQHIRNSL PDTVQIRRVE ERLSALGNVT TCNDYVALVH PDLDRETEEI LADVLKVEVF 180

RQTVADQVLV GSYCVFSNQG GLVHPKTSIE DQDECLSFQV PCCGDVNEAL SDSWDVYNVS 240
FVPETT 246

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 116:

(A) LÄNGE: 72 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 116

MGYNLSPQFT QLLVSRYCPR SANPAMQLDR FIQVCTQLQV LTEAFREKDT AVQGNIRLSF 60
EDFVTMTASR ML 72

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 117:

(A) LÄNGE: 35 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 117

EHTHRCSDQL RLATVSNSVA SKREVYLCPA IGHLG 35

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 118:

(A) LÄNGE: 40 Aminosäuren

(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH
:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 118

ATLWLAKEKF ICAQPLVTLG DAPDSRQMLV HWPSSSFLLK 40

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO:119:

(A) LÄNGE: 33 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH
:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 119

QKRSLFVPSH WSPWVMHQIA GRCWFIGLRP LSS 33

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 120:

(A) LÄNGE: 161 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 120

```
LSSSRSFIST SWGAFVFFCL LSCGSLVLAG FEGASTSMAV FSFWASRICW RSFLRFFPDS  60
VMLARALDAR FLRWCRVISP WSITAPTTRC LRRRSRFNTR RRLNSFFFSS VRGRLIFPPG 120
APIVAIPLQF TVRTSAQRRI RGLRPGLPRA NRNSGAGPRA I                     161
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 121:

(A) LÄNGE: 49 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 121

```
FFQSARALLQ MELTAREALL QSFFCTFFPP KDIPLGEVSR PLGRRKSGE             49
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 122:

(A) LÄNGE: 25 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 122

KGALLLSKSS ETTTESEGWL QLRIF 25

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 123:

(A) LÄNGE: 25 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 123

WKRFSSHLQG PSFLHPGGLL SSFAF 25

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 124:

(A) LÄNGE: 160 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 124

WLLQLKPHLL AHHPPKGLPH RGAPLYSPRT RPRVAIGPRK AGAEPADPAL SGSTDRELEW 60
NRDYGSSGGK DQPAPNGAEE EAVQTPAGVE SGAASEAPGG RGCDRPRADH AAPPQEAGVQ 120
CTCQHYTVRE EAQKTPPADP ACPEREDSHG SGSPFKASQD 160

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 128:

(A) LÄNGE: 78 Aminosäuren
(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 128

FFFPCQPFIG SGTHEVQLVP GTVHSLKQLK GLSPDTDATL SRMHGPGLTL SMEEVGSARG 60
GRMVARDTES LVLGLWLS 78

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 129:

(A) LÄNGE: 110 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 129

CALLPPTPSR TEPSLHSTGD SGKGAEDRQE AHRDRPTGSQ AAPEERDIQ TEESLPAPHSF 60
QDEKNLPPPP DTDAREVGGR SGKFPFPVPP RTSEPSMLNF FFIKITFIL 110

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 130:

(A) LÄNGE: 102 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH
:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 130

```
SLPADVPCCP PPHPAQNHPC IPQGTRARVP KIDKRHTETD QLAARQPQRR ETFRQRKVSL  60
PLIPSKMRKT CRHPPTLMPG RWEEEVGNFP SQYPQERLSL QC                     102
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 131:

(A) LÄNGE: 31 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH
:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 131

```
LCQLMCPVAP HPIPHRTIPA FHRGLGQGCR R                                 31
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 132:

(A) LÄNGE: 166 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH
:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 132

GFRPARCDPV PLPTTRSVAG LPVGRVRQLS RPLLGPDTGS VANIFKGLVI LPEMSLVIRN 60
LQRVIPIRRA PLRSKIEIVR RILGVQKFDL GIICVDNKNI QHINRIYRDR NVPTDVLSFP 120
FHEHLKAGEF PQPDFPDDYN LGDIFLGVEY IFHQCREDED YNDVLT 166

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 133:

(A) LÄNGE: 244 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 133

FDPKLLEGKV KEDPDQGESM KPLTFARFYL PILVPSAKKA IYMDDDVIVQ GDILALYNTA 60
LKPGHAAAFS EDCDSASTKV VIRGAGNQYN YIGYLDYKKE RIRKLSMKAS TCSFNPGVFV 120
ANLTEWKRQN ITNQLEKWMK LNVEEGLYSR TLAGSITTPP LLIVFYQQHS TIDPMWNVRH 180
LGSSAGKRYS PQFVKAAKLL HWNGHLKPWG RTASYTDVWE KWYIPDPTGK FNLIRRYTEI 240
SNIK 244

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 134:

(A) LÄNGE: 63 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 134

PSFIIHSNPI WLGALLWVSH CPSSILGSLR PRGGKIQLRV GGSEPCRIMK ATCFGNDLPL 60
PVV 63

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 135:

(A) LÄNGE: 69 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 135

DYLRLSSGFC QNTPLTESTE GMGVGGLGRV RLECEGSLIY AELKSPSLYV HTFVLFSRLI 60
LAIPNPLPR 69

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 136:

(A) LÄNGE: 47 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 136

QPFRYFNTPL SILHFPHLSK LNLVHRVGLC MCMQEVGVDS ALGWNPP 47

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 137:

(A) LÄNGE: 83 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 137

VPPCPQLREL CPGVNNQPYL CESGHCCGET GCCTYYYELW WFWLLWTVLI LFSCCCAFRH 60
RRAKLRLQQQ QRHVEINLLA YHG 83

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 139:

(A) LÄNGE: 88 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 139

WKSWQLHRML LTRTEFWYLS TEVSTMFTCK RLRKKPLKWT GIQSSFSVTH QSDKRLVTTL 60
PGLFSFYNSS SIHNDFVLCS IFFNPLSI 88

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 140:

(A) LÄNGE: 21 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 140

CYMHFLTFVK NVTIVKKCTK M 21

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 141:

(A) LÄNGE: 58 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 141

MEIEQVHFPA YRQLYTDLNI FSSCLVKVKE KGFFLPQDIT FFYITSITHH CFWWKSAE 58

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 142:

(A) LÄNGE: 21 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 142

NSFLTQMMVL QNNKMAEHFH K 21

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 143:

(A) LÄNGE: 44 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 143

SVTKSGFLIP CHLGDFILLC CFKIQCREVV DCRGNKVNSN FEKK 44

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 144:

(A) LÄNGE: 67 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 144

NPPNDKVSEI QTSLHSICEN VQPFYCSVKE PSSGSKMNSI NQRIFYTLEK KISSNILTEY 60
CKLHFSS 67

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 145:

(A) LÄNGE: 65 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH
:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 145

KVHTILHFST KSSGVLCLLY KKKLYPVAGK TLSLSLLLNN WRKCSSLYKV AYKLESELVQ 60
SPFTF 65

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 146:

(A) LÄNGE: 55 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH
:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 146

KIWSREQNHC EWMNCCKMKK VQAKLLQVFC HFDESQKMNF GYLSTLRVFS LIFCM 55

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 147:

(A) LÄNGE: 113 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 147

IPEDPHIDES KAKHQAIIMS TSLRVSPSIH GYHFDTASRK KAVGNIFENT DQESLERLFR 60
NSGDKKAEER AKIIFAIDQD VEEKTRALMA LKKRTKDKLF QFLKLRKYSI KVH 113

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 148:

(A) LÄNGE: 88 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 148

MQHFAATLQA SLLSGLQRLE RDRDWKGTRT EQTGYKDSKQ FHALCCYRGE QNAFSKDLKT 60
LPSLQERIDA DRRAWTDVMR TKENDGWR 88

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 149:

(A) LÄNGE: 143 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 149

VVEGPDCGHH GDAGAEVPRC LWPRSGICGR ECGLGDRWFL RVEDRQDLNR QRIQRYAQAF 60
HTRGSEDLDK DSVEKLELGC PFSPHLSLPM PSVSRSTSRS SANWERLRQG TLRRDLRGII 120
NRGLEDGESW EYQI 134

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 152:

(A) LÄNGE: 99 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH
:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 152

MKVSAALLCL LLIAATFIPQ GLAQPDAINA PVTCCYNFTN RKISVQRLAS YRRITSSKCP 60
KEAVIFKTIV AKEICADPKQ KWVQDSMDHL DKQTQTPKT 99

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 154:

(A) LÄNGE: 52 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH
:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 154

VFFFTAENWW YFHIHSVSIQ FQYPHLMRKK CFTNEGGILK LAVMLGWRKF GI 52

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 155:

(A) LÄNGE: 25 Aminosäuren

(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 155

FFFLLQKIGG IFTFIVFLSN FSTHI

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 156:

(A) LÄNGE: 40 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 156

ISCNVRLEKI WYLGYFQGTI KSDFCFFVKK NFFNQYCFYK

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 157:

(A) LÄNGE: 66 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH
:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 157

```
NANYCIHHKL KKRTCIRRLK TRKKIQHPNM YSQEGNQFCN RTGIMNYKQE GVEKEEKKMC  60
IEFKTL                                                              66
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 158:

(A) LÄNGE: 23 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH
:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 158

```
PCCEVLAGVG NVWKCSQQVC WGV                                           23
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 159:

(A) LÄNGE: 67 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH
:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 159

PAVKSWQVLV MCGNAVSKFA GEFDKSIKQN KKSLGIILFH DFFCSFTPEG RNGLQQVVEE 60
EGGEQVY 67

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 160:

(A) LÄNGE: 108 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH
:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 160

EGEPACSGIQ ARRVTPCPSP RDASPAPASE TSLSVPATLV GGSDLIHFQV GSGPTPGPAE 60
DRAARPSWLT LQLALGWGGR ELMSVASLSW GFPACPVVSC PRCYRGCA 108

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 161

(A) LÄNGE: 20 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH
:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 161

FCSTTSSVAL HQKEGMGYSR 20

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 162:

(A) LÄNGE: 61 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH
:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 162

IPGLKYFVGI AYYIILADEP QDNGYRHTHT YTHTKSQLLK SGLGIRLLCP VKNSCTEVIV 60
T 61

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 163:

(A) LÄNGE: 22 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH
:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 163

LMNLRTTATD THIHTRTQNL SC 22

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 164:

(A) LÄNGE: 37 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 164

TSGQRLQTHT YIHAHKISAV EEWAWNQTSV SSKKLLH 37

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 165:

(A) LÄNGE: 72 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 165

TVPFSVSASG FHLIFFALPI LFQPVAKNHE TRQWKHRHRR RGPSCALKAG KTASGAGEVV 60
RCLSEQSVAI SR 72

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 168:

(A) LÄNGE: 25 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 168

LISTSEEVLT FSMLHRNWYN MPSVY 25

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 169

(A) LÄNGE: 20 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH
:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 169

LKLLAWSYLH SFCVLFASCI 20

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 170:

(A) LÄNGE: 32 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH
:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 170

LLACCTETGI TCLQYTNTHM LSFVLFWQLT RS 32

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 171:

(A) LÄNGE: 50 Aminosäuren

(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH
:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 171

IALSCCFNVV HTIASQTCYS SVICSVVTKV TGLVLFAQFL RLVCFLHLIN 50

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 172:

(A) LÄNGE: 51 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH
:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 172

EHYTIGFQYC THKIHTCVQK VSSSRLVIPF TWKINEGNLY ILYKNKSKFI Y 51

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 173:

(A) LÄNGE: 239 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 173

```
LFIHFRNNTN NWREIPENLM DQYSEVNAIS TACSNGVPEC EEMVSGLFKQ WMENPNNNPI  60
HPNLRSTVYC NAIAQGGEEE WDFAWEQFRN ATLVNEADKL RAALACSKEL WILNRYLSYT 120
LNPDLIRKQD ATSTIISITN NVIGQGLVWD FVQSNWKKLF NDYGGGSFSF SNLIQAVTRR 180
FSTEYELQQL EQFKKDNEET GFGSGTRALE QALEKTKANI KWVKENKEVV LQWFTENSK  239
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 183

(A) LÄNGE: 109 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 183

```
YANQSSSLRF KIKYKLLCFS THSGSIVPEP DCYFFILNII FPHLICLPLI HRHLEKEMGG  60
CLLSLSLCFV PVVRLAASVA RWAWLEPWVR QVAGGDRERL RGKWWHLLL             109
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 184:

(A) LÄNGE: 33 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 184

SLFLSSTGVS APLQGQSKSL HPEPPPIPVH FSR 33

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 185:

(A) LÄNGE: 46 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 185

HSFSARLEFL HLCRGKVSPC TLNHPPFLFI SADNDGGGGV SIVLRV 46

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 186:

(A) LÄNGE: 105 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 186

VEGTCSDGVF SGFLAPGCAV HRPHRPWPQH PQQGQWKCQS SKCHHFPLSL SLSPPATCLT 60
HGSNQAHRAT DAASLTTGTK QRERDNRHPP ISFSKCLWMR GRQIR 105

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 187:

(A) LÄNGE: 73 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 187

RGHAVTEYLV GSLLLAVQFT GPTGLGPSIP SRDSGSVRAV NATTSLSASP CPRQPPASPT 60
ALTKPTEQLT LPV 73

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 188:

(A) LÄNGE: 28 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 188

MFFIFFMLSI QALFHGQQVI FHNVDFPK 28

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 189:

(A) LÄNGE: 65 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH
:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 189

LLNTAILWLL LVFLWYVVWE CLWNYQYLKF SKEPWKSITL NESLSLYMNY VLKFDQLSLR 60
HKTVI 65

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 190:

(A) LÄNGE: 30 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH
:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 190

CFSFFSCYLS KHCSMVSKSY FIMWIFQNNY 30

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 191:

(A) LÄNGE: 41 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 191

FFFFVTNVFY LFINKKCIVQ ALYPNPSTQK KINNRPWMAQ T 41

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 192

(A) LÄNGE: 29 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 192

YKPFIPIQVL RKRLTTDPGW HRHNLFGVI 29

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 193:

(A) LÄNGE: 33 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 193

SSHMVTNTYD FSFRNIIRRL NLLLQQQKFN PLN 33

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 194:

(A) LÄNGE: 153 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH
:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 194

```
TPLRKEVLKS KMGKSEKIAL PHGQLVHGIH LYEQPKINRQ KSKYNLPLTK ITSAKRNENN  60
FWQDSVSSDR IQKQEKKPFK NTENIKNSHL KKSAFLTEVS QKENYAGAKF SDPPSPSVLP 120
KPPSHWMGST VENSNQNREL MAVHLKTLLK VQT                               153
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 195:

(A) LÄNGE: 304 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH
:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 195

```
SLYYYGIRDL ATVFFYMLVA IIIHAVIQEY MLDKINRRMH FSKTKHSKFN ESGQLSAFYL  60
FACVWGTFIL ISENYISDPT ILWRAYPHNL MTFQMKFFYI SQLAYWLHAF PELYFQKTKK 120
EDIPRQLVYI GLYLFHIAGA YLLNLNHLGL VLLVLHYFVE FLFHISRLFY FSNEKYQKGF 180
SLWAVLFVLG RLLTLILSVL TVGFGLARAE NQKLDFSTGN FNVLAVRIAV LASICVTQAF 240
MMWKFINFQL RRWREHSAFQ APAVKKKPTV TKGRSSKKGT ENGVNGTLTS NVADSPRNKK 300
EKSS                                                               304
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 201:

(A) LÄNGE: 198 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:201

```
KMTTAARPTF EPARGGRGKG EGDLSQLSKQ YSSRDLPSHT KIKYRQTTQD APEEVRNRDF  60
RRELEERERA AAREKNRDRP TREHTTSSSV SKKPRLDQIP AANLDADDPL TDEEDEDFEE 120
ESDDDDTAAL LAELEKIKKE RAEKGQGPGK GPRAKKALRG GRVSFWENIG WAGNPFPLIL 180
SLAHSKLKAD FEKFERRV                                               198
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 202:

(A) LÄNGE: 55 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:202

```
VLIFLVFLLD GKAVGINRGQ RLMLEWPVEV VEQSSHLLSG AVSGWVYLKA TKCFG       55
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 203:

(A) LÄNGE: 66 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH
:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:203

SPGFFLSLPF STGXAWASSS CHPSRKAPAP SCLPAACIQG QSSGLQTGLV PPPLQGMGVG 60
EGAFKK 66

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 204:

(A) LÄNGE: 161 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH
:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:204

HLGYGKLLWC VVGFLFSFLS FFSPFSLLAF SFPFPSPLAK LGPHPHVILL GRRLPHLVCR 60
QHASKARAQA CRLGWCLLRF RVWELVKGLS KNNKKKKVKS LVASIHSDPG RQQGFVDLDS 120
LGMSSCQPGQ DPGLPRAEAL PATRIPPLWG LCVQRSGSET S 161

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 205:

(A) LÄNGE: 37 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 205

LDLVFIVEH TYQGEVLHTQ LQIIFGKKAV KKIKLQLL 37

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 206:

(A) LÄNGE: 32 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 206

ENYFAFSVNL RSVLNKVQSS ARPFPSLMSA LG 32

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 207:

(A) LÄNGE: 102 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 207

CMLQINLYFF PLGFSKNTTT STPNEHGTCL FLPLLIYSRF SSVFFSNAAF SCSSGLLSGS 60
IVAKDSIRST LHSDVKHSHC LDSSSFLSSN SITDKASVLT DE 102

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 208:

(A) LÄNGE: 34 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH
:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 208

VLFSKEYVID LQVSSRISAK ASGSACSSSK SINP 34

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 209:

(A) LÄNGE: 43 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH
:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 209

VAHWQGDQKH YFHTCVMILF FLRESHSVAR LGVQWHDLGS LQP 43

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 210:

(A) LÄNGE: 204 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH
:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 210

```
DLTFEQIRKL NPAANHRLRN DFPDEKIPTL REAVAECLNH NLTIFFDVKG HAHKATEALK  60
KMYMEFPQLY NNSVVCSFLP EVIYKMRQTD RDVITALTHR PWSLSHTGDG KPRYDTFWKH 120
FIFVMMDILL DWSMHNILWY LCGISAFLMQ KDFVSPAYLK KWSAKGIQVV GWTVNTFDEK 180
SYYESHLGSS YITDSMVEDC EPHF                                       204
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 214:

(A) LÄNGE: 33 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH
:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 214

```
SFKVTLWKSE TRGCHEGSFS FSEEKIGMGY RTI                             33
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 215:

(A) LÄNGE: 61 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 215

NSKVDVIFTP MSICPISVSS SPLGIYSLYV NKIRSSDSLI QSSSFSSLFL CRLLDIYCST 60
T 61

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 216:

(A) LÄNGE: 24 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 216

PMYKIAKCLL FIKRCNGVGG RGNF 24

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 217:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
(A) LÄNGE:1880 Basenpaare
(B) TYP: Nukleinsäure
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNAs

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 217:

```
CGCCGGGGGC CGGGGGCGGC CCAGGGGGGG GCCCGGGGCC GGGGCCCTGC CTGAGGCGAG  60
AGCTGAAGCT GCTCGAGTCC ATCTTGCCAC CGCGGCCACG AGCGCTTCCG CATTGCCAGC 120
GCCTGCCTGG ACGAGCTGAG CTGCGAGTTC CTGCTGGCTG GGGCCGGAGG GGCCGGGGCG 180
GGGGCCGCGC CCGGACCGCA TCTCCCCCCA CGGGGGTCGG TGCCTGGGGA TCCTGTCCGC 240
ATCCACTGCA ACATCACGGA GTCATACCCT GCTGTGCCCC CCATCTGGTC GGTGGAGTCT 300
GATGACCCTA ACTTGGCTGC TGTCTTGGAG AGGCTGGTGG ACATAAAGAA AGGGAATACT 360
CTGCTATTGC AGCATCTGAA GAGGATCATC TCCGACCTGT GTAAACTCTA TAACCTCCCT 420
CAGCATCCAG ATGTGGAGAT GCTGGATCAA CCCTTGCCAG CAGAGCAGTG CACACAGGAA 480
GACGTGTCTT CAGAAGATGA AGATGAGGAG ATGCCTGAGG ACACAGAAGA CTTAGATCAC 540
TATGAAATGA AAGAGGAAGA GCCAGCTGAG GGCAAGAAAT CTGAAGATGA TGGCATTGGA 600
AAAGAAAACT TGGCCATCCT AGAGAAAATT AAAAAGAACC AGAGGCAAGA TTACTTAAAT 660
GGTGCAGTGT CTGGCTCGGT GCAGGCCACT GACCGGCTGA TGAAGGAGCT CAGGGATATA 720
TACCGATCAC AGAGTTTCAA AGGCGGAAAC TATGCAGTCG AACTCGTGAA TGACAGTCTG 780
TATGATTGGA ATGTCAAACT CCTCAAAGTT GACCAGGACA GCGCTTTGCA CAACGATCTC 840
CAGATCCTCA AAGAGAAAGA AGGAGCCGAC TTCATTCTAC TTAACTTTTC CTTTAAAGAT 900
AACTTTCCCT TTGACCCACC ATTTGTCAGG GTTGTGTCTC CAGTCCTCTC TGGAGGGTAT 960
GTTCTGGGCG GAGGGGCCAT CTGCATGGAA CTTCTCACCA AACAGGGCTG GAGCAGTGCC1020
TACTCCATAG AGTCAGTGAT CATGCAGATC AGTGCCACAC TGGTGAAGGG GAAAGCACGA1080
GTGCAGTTTG GAGCCAACAA ATCTCAATAC AGTCTGACAA GAGCACAGCA GTCCTACAAG1140
TCCTTGGTGC AGATCCACGA AAAAAACGGC TGGTACACAC CCCCAAAAGA AGACGGCTAA1200
CCCTGGAGTA TCACCCTTCC TCCCTCCCCA GGCACCACTG GACCAATTAC CTTTGAATGC1260
TGTATTTGGA TCTCACGCTG CCTCTGTGGT TCCCTCCCTC ATTTTTCCTG GACGTGATAG1320
CTCTGCCTAT TGCAGGACAA TGATGGCTAT TCTAAACGCT AAGGAAAAAA AACAAACACA1380
GAACTGTTTC AAGTACTCAA GACTGACTTA CAGACCAACC AACCACCTTG CTGGAACCCT1440
TGCTAGCAGG CATTCTTATA AAAGAAACTT TCGAGCCTCC TTATATTGCT GGAAACTCAG1500
CTGTGCTCCA GACTAGAGCC TCCTTACCTA TGCTATGGAT TTTTAATTTA TTTTCTCTTA1560
TTTCATGTAC ACTGCTTTTT TTGGTTACAG TGTATGATGG ATGTGTATGA AAAAAATGTA1620
TCTTTGGGAA AACAATTACA GTTTGTTAAT TTGGAAAAAA AAAAAATGAC TCATCTTTAT1680
TTTTATTCGC ACATCCCACC CCATCCCCTG GAACTACTTG GGGAGGTGGG GAGGGGTACG1740
AGTCCACTGT TGGCTTGGTA GGAGATGAGA GGCCGCATTT GCTGCTTAAG CAAGGGGAAC1800
TGGGGCTGAG CACACACCGG GGTGCCCCCG GATTTTTCCT CAAGGGCTCT GGAGCAACGG1860
CACCGGCCCC TTGGGATGCA                                            1880
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 218:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
(A) LÄNGE:1024 Basenpaare
(B) TYP: Nukleinsäure
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNAs

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 218:

```
GCGGTCGGTA GTGCGGCGCT GTTTAAAGAT GGCGGCGGAG GAACCTCAGC AGCAGAAGCA   60
GGAGCCGCTG GGCAGCGACT CCGAAGTGTT AACTGTCTGG CCTATGATGA AGCCATCATG  120
GCTCAGCAGG ACCGAATTCA GCAAGAGATT GCTGTGCAGA ACCCTCTGGT GTCAGAGCGG  180
CTGGAGCTCT CGGTCCTATA CAAGGAGTAT GCTGAAGATG ACAACATCTA TCAACAGAAG  240
ATCAAGGACC TCCACAAAAA GTACTCGTAC ATCCGCAAGA CCAGGCCTGA CGGCAACTGT  300
TTCTATCGGG CTTTCGGATT CTCCCACTTG GAGGCACTGC TGGATGACAG CAAGGAGTTG  360
CAGCGGTTCA AGGCTGTGTC TGCCAAGAGC AAGGAAGACC TGGTGTCCCA GGGCTTCACT  420
GAATTCACAA TTGAGGATTT CCACAACACG TTCATGGACC TGATTGAGCA GGTGGAGAAG  480
CAGACCTCTG TCGCCGACCT GCTGGCCTCC TTCAATGACC AGAGCACCTC CGACTACCTT  540
GTGGTCTACC TGCGGCTGCT CACCTCGGGC TACCTGCAGC GCGAGAGCAA GTTCTTCGAG  600
CACTTCATCG AGGGTGGACG GACTGTCAAG GAGTTCTGCC AGCAGGAGGT GGAGCCCATG  660
TGCAAGGAGA GCGACCACAT CCACATCATT GCGCTGGCCC AGGCCCTCAG CGTGTCCATC  720
CAGGTGGAGT ACATGGACCG CGGCGAGGGC GGCACCACCA ATCCGCACAT CTTCCCTGAG  780
GGCTCCGAGC CCAAGGTCTA CCTTCTCTAC CGGCCTGGAC ACTACGATAT CCTCTACAAA  840
TAGGGCTGGC TCCAGCCCGC TGCTGCCCTG CTGCCCCCCT CTGCCAGGCG CTAGACATGT  900
ACAGAGGTTT TTCTGTGGTT GTAAATGGTC CTATTTCACC CCCTTCTTCC TGTCACATGA  960
CCCCCCCCCA TGTTTTATTA AAGGGGGTGC TGGTGGTGAA AAAAAAAAAA AAAAAAAAAA 1020
AAAA                                                               1024
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 219:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
(A) LÄNGE:2383 Basenpaare
(B) TYP: Nukleinsäure
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNAs

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 219:

```
CCCTTCATTA AAGCCCTCCT AAATATAACT CTTCTGTATC AAAGGACTTA CAAATGTCTC  60
AAGAAAGTAA TGGTGTAGCA GTGTAAGAGA AGTAAAAGTC TGCTAGGGGA AACTAATGAA 120
GCATTTTCCT CATTACACTT TTGGGTTGAT ATATTTCATT AAGACAGAAC TAGTTCTGTT 180
TTGCTTTGCT TTTTAGTGCT TAGTCTGAGA GGCAATGCGA GAAACCAAAA GTCTTAGGAG 240
AAAAACTGCT TTCATAATTT CCAGTGTAAG CCACAAAGAA GCTTTTCTAT AAAGGCTTGA 300
AAGCTTGAAG AGGTGACAAG AGCAAGCTGT ATTCAATTAG ACAGTTCAAT AAATATGCAA 360
AAATAAAAAA ACACTTATCA ATCATGAGTA TACTGTTTGT ATTCTGGAAA AAGCAACATA 420
TTTCATGCTT TGAATATTTT CTCTTGAGAA TAGTTTTAAA GTTATTTCCT TTTGTAACAT 480
TCAAAAGTAA AACACACATA TATAATTCCA TCAAGGATTC TCTGTATGAT TAACATTCTG 540
TACAAGTCAA ACATGACCAC ATCTATATTG GAAAGAGAGC ACTGAGAAGC AACAGCAGGA 600
GAATGCATCA CCTGTGCCTG TTTCAGGATG AACAGTTTTG TTAAGTTCAG CAGATGAATG 660
TAACAATGAC CACTTGTTTC CAAATACCCA GATGTTTCTT ACTGGCTCCT CACTAATCAA 720
TAACACAAGT GCTAAGTTCT AAGTATTTAA AAAAACAAAA GACTGCAGGT GACTCCTTCT 780
CTCTGGTCCC TTTACCAAAG CTCCAAATCA CTTATGACAT TAATTACAAT ATTCTGCACT 840
CCAAAAAAAT ATGCAAACAC AGGTTTGCTA AATTTTAGTT ACTCAGTGAA CCTACTAAAT 900
TTTAAAGTAG AAAAAAGACT TACATTCTCA TGACACAAAC TTTAGTTTTC ACATTCACCA 960
AAACATTTTA AAATCACTCA AACATGAGAA TTGAAAATGT GTGTGCTTAT TTGGGAGAGG1020
ATTACTGCAT TTATTCTCCA GAAAAAAAGG CAGACCTGAG GCATCACATT ACCGGAACAT1080
TTAAATATGA TGACATGTTT CTTATCTTCT AAACTTCAAC GAAAGCTGCT TGTACAAACT1140
ATTTAATGCA TATCTGCCCC ATTAAACAAG ATATTTGATG TAGCAGAGAA GCCAGAAGCT1200
GAGTCACTTC ATTTCTTTCT GTTGCCTCCA GTTGCCAGCA TAGTTGCAAC TCGCATAAAT1260
ATATTTAATG TATCCATGTA GATACTCAGC ATCGAGTTAA TGGGATCATA TTTTTGAACT1320
CCATACATTG GTGATACTTC TGCACGCTTG ATTACTTTCT GGGTATCATA CAGAAGGAAC1380
ATGCTGAAAA GAACTAATCC ACCGTACATT GCCACTGAGT AAAGAGTGGC ACCAGCCACG1440
GGTGGTAGGT GGAAGAAACA TAGATCCCAA TGAGGACACA AAGACGAGAC CCAGGCCCAC1500
TCCCAGGGGT GCACCCATGT TCAGAAACTT TTCACTGGGC GCACACATGG CCACAGTGGA1560
GAGGCCTCCC ACAATGCCAG CTGTGTACCA TGCAGCTCTG ATGAGAAGAG GACCCCCTAA1620
TATTGTCAGA GGAGCCACCA CTGCACCCAT CACACCAGAA TGTAGCAACC AAGCAAGATG1680
CTTTGGGCCT GGGCTCTGGT CATATGGTAT TGATCGTACC AGCATTCCAG CTCCAACCAT1740
GGCTGCAAAG GTCACACCAA TTGTCACCCA AGAGCCTCTC ATCATGAAGT TCATGAGAAC1800
AGGCGTTCTG CTGATTGCTA TGGCAGACAA AGCTGTTAAA CCAATACTCC CTGCTAAGTA1860
CATATAGGTG GAATGAATTC TATCCTTGAC ATACTGAGGC CAAATTACAG CCTTTTCAAT1920
AGCTCCAATC TCATTAGACA GTCCCAAGCC ATAGTAGCAC AATGCTCCAA GACCAACAGC1980
AGCCCCTCCA GCAACAAACC ATCTTCCCAT CTGATCAATT TTAAATATTT TTTCCATCGA2040
TGGTTCCAAT GCTGCCTCTT TGAGTTCTTG GCCAGTTCTC CCACGCCGGA TCCCAATTCT2100
TGTTTTGGTG GCATATTCCC TGCTAGGTGT TAACAGCCAT TGATTCTTCG TGATGGAATT2160
CTTCACAACA GGGGAGGCCT TGGTGAAAGC TGGGTGGAAA ACCCTAGAAG GTAGTGTCCG2220
GAGACACACC AGCCTTGCAG CCAACATGGT GGTGGTGCAC CAGGTCTACC GAGCAGATCT2280
GAAATGCTCG GTCCCCGGTC ACCTTCGCCT CGCAGTTTCC CTTCCGGGCC CCTAGCGTCG2340
GCCTCAAAGA GCACAGTTCC TCCGGCGCAC TGCATGTCGC AAC                    2383
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 220:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
(A) LÄNGE:3210 Basenpaare
(B) TYP: Nukleinsäure
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNAs

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 220:

GCAAGGCCTA CTGTCGGCTG GGAGGGGAGG TGTAGCCGGT CTTTGGGGGT AGGCGGTAGT 60
GGCGGAAGAG GTTCGGCGGC TGATGGCGGA TCAGGATCGG AAGCCTGCGT AACTTTCTCC 120
CTTGATCCGG GAGTCTTTCC ACTGGATTCA CAATGACATC CTTTCAAGAA GTCCCATTGC 180
AGACTTCCAA CTTTGCCCAT GTCATCTTTC AAAATGTGGC CAAGAGTTAC CTTCCTAATG 240
CACACCTGGA ATGTCATTAC ACCTTAACTC CATATATTCA TCCACATCCA AAAGATTGGG 300
TTGGTATATT CAAGGTTGGA TGGAGTACTG CTCGTGATTA TTACACGTTT TTATGGTCCC 360
CTATGCCTGA ACATTATGTG GAAGGATCAA CAGTCAATTG TGTACTAGCA TTCCAAGGAT 420
ATTACCTTCC AAATGATGAT GGAGAATTTT ATCAGTTCTG TTACGTTACC CATAAGGGTG 480
AAATTCGTGG AGCAAGTACA CCTTTCCAGT TTCGAGCTTC TTCTCCAGTT GAAGAGCTGC 540
TTACTATGGA AGATGAAGGA AATTCTGACA TGTTAGTGGT GACCACAAAA GCAGGCCTTC 600
TTGAGTTGAA AATTGAGAAA ACCATGAAAG AAAAAGAAGA ACTGTTAAAG TTAATTGCCG 660
TTCTGGAAAA AGAAACAGCA CAACTTCGAG AACAAGTTGG GAGAATGGAA AGAGAACTTA 720
ACCATGAGAA AGAAAGATGT GACCAACTGC AAGCAGAACA AAAGGGTCTT ACTGAAGTAA 780
CACAAAGCTT AAAAATGGAA AATGAAGAGT TTAAGAAGAG GTTCAGTGAT GCTACATCCA 840
AAGCCCATCA GCTTGAGGAA GATATTGTGT CAGTAACACA TAAAGCAATT GAAAAAGAAA 900
CGAATTAGA CAGTTTAAAG GACAAACTCA AGAAGGCACA ACATGAAAGA GAACAACTTG 960
AATGTCAGTT GAAGACAGAG AAGGATGAAA AGGAACTTTA TAAGGTACAT TTGAAGAATA1020
CAGAAATAGA AAATACCAAG CTTATGTCAG AGGTCCAGAC TTTAAAAAAT TTAGATGGGA1080
ACAAAGAAAG CGTGATTACT CATTTCAAAG AAGAGATTGG CAGGCTGCAG TTATGTTTGG1140
CTGAAAAGGA AAATCTGCAA AGAACTTTCC TGCTTACAAC CTCAAGTAAA GAAGATACTT1200
GTTTTTTAAA GGAGCAACTT CGTAAAGCAG AGGAACAGGT TCAGGCAACT CGGCAAGAAG1260
TTGTCTTTCT GGCTAAAGAA CTCAGTGATG CTGTCAACGT ACGAGACAGA ACGATGGCAG1320
ACCTGCATAC TGCACGCTTG GAAAACGAGA AAGTGAAAAA GCAGTTAGCT GATGCAGTGG1380
CAGAACTTAA ACTAAATGCT ATGAAAAAAG ATCAGGACAA GACTGATACA CTGGAACACG1440
AACTAAGAAG AGAAGTTGAA GATCTGAAAC TCCGTCTTCA GATGGCTGCA GACCATTATA1500
AAGAAAAATT TAAGGAATGC CAAAGGCTCC AAAAACAAAT AAACAAACTT TCAGATCAAT1560
CAGCTAATAA TAATAATGTC TTCACAAAGA AAACGGGGAA TCAGCAGAAA GTGAATGATG1620
CTTCAGTAAA CACAGACCCA GCCACTTCTG CCTCTACTGT AGATGTAAAG CCATCACCTT1680
CTGCAGCAGA GGCAGATTTT GACATAGTAA CAAAGGGGCA AGTCTGTGAA ATGACCAAAG1740
AAATTGCTGA CAAAACAGAA AAGTATAATA AATGTAAACA ACTCTTGCAG GATGAGAAAG1800
CAAAATGCAA TAAATATGCT GATGAACTTG CAAAAATGGA GCTGAAATGG AAAGAACAAG1860
TGAAAATTGC TGAAAATGTA AAACTTGAAC TAGCTGAAGT ACAGGACAAT TATAAAGAAC1920
TTAAAAGGAG TCTAGAAAAT CCAGCAGAAA GGAAAATGGA AGATGGAGCA GATGGTGCTT1980
TTTACCCAGA TGAAATACAA AGGCCACCTG TCAGAGTCCC CTCTTGGGGA CTGGAAGACA2040
ATGTTGTCTG CAGCCAGCCT GCTCGAAACT TTAGTCGGCC TGATGGCTTA GAGGACTCTG2100
AGGATAGCAA AGAAGATGAG AATGTGCCTA CTGCTCCTGA TCCTCCAAGT CAACATTTAC2160
GTGGGCATGG GACAGGCTTT TGCTTTGATT CCAGCTTTGA TGTTCACAAG AAGTGTCCCC2220
TCTGTGAGTT AATGTTTCCT CCTAACTATG ATCAGAGCAA ATTTGAAGAA CATGTTGAAA2280
GTCACTGGAA GGTGTGCCCG ATGTGCAGCG AGCAGTTCCC TCCTGACTAT GACCAGCAGG2340
TGTTTGAAAG GCATGTGCAG ACCCATTTTG ATCAGAATGT TCTAAATTTT GACTAGTTAC2400
TTTTTATTAT GAGTTAATAT AGTTTAGCAG TAAAAAAAAA AAAAAAAAAC CACACCTAAA2460
ATAGACCACT GAGGAGACCA TAGAGCGGAT GCTTTCATGC ACCCTTTACT GCACTTTCTG2520
ACCAGGAGCT ACTTTGAGTT TGGTGTTACT AGGATCAGGG TCAGTCTTTG GCTTATCAAT2580
AAATTTTAAT CTCTGTTAAT CTTACCTGCT TTAAAAAAAA GTTCTTGTGT GTTCGTATCT2640

```
TTATTTATTC CCTAGTTTGC AGAACTGTCT GAATAAAGGA TACAAGGATT ATTTCAATGT2700
TACTGCACTG AAAAACGTGT ATGTATTAGT GTGCTAGATT ATTTAGCAGA ATATTCACAA2760
GTTTCTGTTG ACCTTGTTGA TTGAGCATGA CTACTAAATA TTATGTAATA AAAAGCATTT2820
GTCATAACAG TCTTATGAAG TAGTTCTTCG AATATAGAAA GTTCTATAAT TTAGCCCATG2880
AAATGATAGG TTTTTAATTT TCAGAAATGG AGCTGCATGT AGAATGAGAT CACATGCTTT2940
TATATGTGAA ATATTGGTTT TAGCAATTAA CAGAAGGCAT ACTTTGCTAA TTTTATGGCA3000
AAATTTTAGA ATAACCTGAA TGATTATTTT TAAACTATCT TGAAGTTGTA TGTATATATC3060
CTAATGGGGA AATGGGGCAA GGGATTGTCA GTATAATTGT TTTCCCGATT AAATGGTCCC3120
CATAACCAGG GGGTGTTTGT GGCATAAAAA TCCATAGGGT ATATAGCAGG ACCTTTTTTG3180
CATTTCCCTG TGGGGATTTA ATTTGGAATT                                  3210
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 221:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
(A) LÄNGE:1030 Basenpaare
(B) TYP: Nukleinsäure
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNAs

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 220:

```
CCGCTTTCTC CGCCCAGCTG GAATTTTTGA AGCGAGAAAA TCGACTCGCT CGGTGTTCGC  60
CCGCCGACGC CGCACGGTTG CTGGGGCTGG GCTCTTCCTC GCGGAAGTGG GGAGGAGGCG 120
GTTGCGGTTA GTGGACCGGG ACCGGTAGGG GTGCTGTTGC CATCATGGCT GACCCCGACC 180
CCCGGTACCC TCGCTCCTCG ATCGAGGACG ACTTCAACTA TGGCAGCAGC GTGGCCTCCG 240
CCACCGTGCA CATCCGAATG GCCTTTCTGA GAAAAGTCTA CAGCATTCTT TCTCTGCAGG 300
TTCTCTTAAC TACAGTGACT TCAACAGTTT TTTTATACTT TGAGTCTGTA CGGACATTTG 360
TACATGAGAG TCCTGCCTTA ATTTTGCTGT TTGCCCTCGG ATCTCTGGGT TTGATTTTTG 420
CGTTGACTTT AAACAGACAT AAGTATCCCC TTAACCTGTA CCTACTTTTT GGATTTACGC 480
TGTTGGAAGC TCTGACTGTG GCAGTTGTTG TTACTTTCTA TGATGTATAT ATTATTCTGC 540
AAGCTTTCAT ACTGACTACT ACAGTATTTT TTGGTTTGAC TGTGTATACT CTACAATCTA 600
AGAAGGATTT CAGCAAATTT GGAGCAGGGC TGTTTGCTCT TTTGTGGATA TTGTGCCTGT 660
CAGGATTCTT GAAGTTTTTT TTTTATAGTG AGATAATGGA GTTGGTCTTA GCCGCTGCAG 720
GAGCCCTTCT TTTCTGTGGA TTCATCATCT ATGACACACA CTCACTGATG CATAAACTGT 780
CACCTGAAGA GTACGTATTA GCTGCCATCA GCCTCTACTT GGATATCATC AATCTATTCC 840
TGCACCTGTT ACGGTTTCTG GAAGCAGTTA ATAAAAAGTA ATTAAAAGTA TCTCAGCTCA 900
ACTGAAGAAC AACAAAAAAA ATTTAACGAG AAAAAAGGAT TAAAGTAATT GGAAGCAGTA 960
TATAGAAACT GTTTCATTAA GTAATAAAGT TTGAAACAAT GATTAAAAAA AAAAAAAAAA1020
```

AAAAAGTTTT 1030

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 222:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
(A) LÄNGE:1216 Basenpaare
(B) TYP: Nukleinsäure
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNAs

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 222:

TCTGTTCTGT GGACAACTGT TACTGTTCTT CCGTGGCCAA CCATGGCGGC CACCAGCCCT 60
ACCCCCGCTC CGGCCACTTT CCCTGGACAG TGCCCTCGCA GGAGTACTCA CACCCGCTCC 120
CGCCCACACC CTCCGTCCCC CAGTCCCTTC CCAGCCTGGC GGTCAGAGAC TGGCTTGACG 180
CCTCCCAGCA GCCCGGCCAC CAGGATTTCT ACAGGGTGTA TGGGCAGCCG TCCACCAAAC 240
ACTACGTGAC GAGCTAACGC CACGCAGGCG GCGGGGCGCT GGGGAATCTT CCTCCCCAGC 300
CCCCGGGCTC GGGAGTTATG CATCCAGAGA CCTGCCCTTC TACCTTCCTC GCCTCCCCTC 360
TTCCTCATTC CATTGCCCCA GGTCTTTTCC TTTTGGATTT TGTTTTGGTT TTGGCTTTGT 420
TTTTGATTTT TTTTTATTAT GAATCTCCTG GACGCAGAGG TGACAGTGGG AGCTGGCCTG 480
GGCCAGGACG GCAGGTGGCC CTGGAGATGG GAAAGTGTCT GTGTCGAGGC GCTGAGCTCT 540
CTCTCTGTTT CTCCTTTTTT CCTCTACTCC TTCCCCTTCA CACCCCCGTG GCTGGAAGGA 600
ACCTCGGCTT CCCTGAAAGC TTGGGGGTCC CACCCTTCTT ACCCCACCCG GGAGGAACGC 660
CCAGGGCCCC GGGCTTGTTT CTCCTCTTGT TTTCCTTTTG GGCAGTTTGA TCACTGATCG 720
AGTAAGGAAT GACCTTTAGA TTGTGCGACT TTTGTTTTTG TTTTTTTAAA TTTTTTTAAA 780
CCAAGAATGA TTTCTCCTGC TTCCTTCTCC TCACCATCTT CCCAGACGGA GTTCAAAGGC 840
CACTTCTCAA GCAGCTTTTG GCACCTTCAG CCTCAGAGTG GAATCTTTTA AAGACAGGAC 900
CCCTATGTCC AGGAAAGGGG AAAAGGAACT TTGCCAATGA TAGTGACCAC AGCAAAAGCA 960
ATAAAATAAT AAAATAAAAA ACAATAGCAC AGCCCTTGTT GAGGTCAGCA GGGAGGAGGG1020
GCTGCCCGGA GTTGGGTCCT TGCCTGGATT TTGACACAGC AACTTCCTGT AGTGAGCACT1080
TTGTATGAAT CGTGGACTTC CTGTTCTCAA GGCGCAGGTA TTTATTCTGT ATCTGTCTAG1140
AGCACACACC AAAATCCAAC CTTCTAATAA ACATGATGGC GCAGTCCCAA AAAAAAGAAA1200
CAGAAGAAGA AAAGGG 1216

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 223:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
(A) LÄNGE:2369 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNAs

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 223:

CGGGCGCCCG GGCCAGAGTC CGGCCGGAGC GGAGGAGCCC GGCCCCAGGG ACAGCTCGGC 60
CGTCATTACT CAGATCAGCA AGGAGGAGGC TCGGGGCCCG CTGCGGGGCA AAGGTGACCA 120
GAAGTCAGCA GCTTCCCAGA AGCCCCGAAG CCGGGGCATC CTCCACTCAC TCTTCTGCTG 180
TGTCTGCCGG GATGATGGGG AGGCCCTGCC TGCTCACAGC GGGGCGCCCC TGCTTGTGGA 240
GGAGAATGGA GCCATCCCTA AGACCCCAGT CCAATACCTG CTCCCTGAGG CCAAGGCCCA 300
GGACTCAGAC AAGATCTGCG TGGTCATCGA CCTGGACGAG ACCCTGGTGC ACAGCTCCTT 360
CAAGCCAGTG AACAACGCGG ACTTCATCAT CCCTGTGGAG ATTGATGGGG TGGTCCACCA 420
GGTCTACGTG TTGAAGCGTC CTCACGTGGA TGAGTTCCTG CAGCGAATGG GCGAGCTCTT 480
TGAATGTGTG CTGTTCACTG CTAGCCTCGC CAAGTACGCA GACCCAGTAG CTGACCTGCT 540
GGACAAATGG GGGGCCTTCC GGGCCCGGCT GTTTCGAGAG TCCTGCGTCT TCCACCGGGG 600
GAACTACGTG AAGGACCTGA GCCGGTTGGG TCGAGACCTG CGGCGGGTGC TCATCCTGGA 660
CAATTCACCT GCCTCCTATG TCTTCCATCC AGACAATGCT GTACCGGTGG CCTCGTGGTT 720
TGACAACATG AGTGACACAG AGCTCCACGA CCTCCTCCCC TTCTTCGAGC AACTCAGCCG 780
TGTGGACGAC GTGTACTCAG TGCTCAGGCA GCCACGGCCA GGGAGCTAGT GAGGGTGATG 840
GGGCCAGGAC CTGCCCCTGA CCAATGATAC CCACACCTCC TCCCAGGAAG ACTGCCCAGG 900
CCTTTGTTAG GAAAACCCAT GGGCCGCCGC CACACTCAGT GCCATGGGGA AGCGGGCGTC 960
TCCCCCACCA GCCCCACCAG GCGGTGTAGG GGCAGCAGGC TGCACTGAGG ACCGTGAGCT1020
CCAGGCCCCG TGTCAGTGCC TTCAAACCTC CTCCCCTATT CTCAGGGGAC CTGGGGGGCC1080
CTGCCTGCTG CTCCCTTTTT CTGTCTCTGT CCATGCTGCC ATGTTTCTCT GCTGCCAAAT1140
TGGGCCCCTT GGCCCCTTCC GGTTCTGCTT CCTGGGGGCA GGGTTCCTGC CTTGGACCCC1200
CAGTCTGGGA ACGGTGGACA TCAAGTGCCT TGCATAGAGC CCCCTCTTCC CCGCCCAGCT1260
TTCCCAGGGG CACAGCTCTA GGCTGGGAGG GGAGAACCAG CCCCTCCCCC TGCCCCACCT1320
CCTCCCTTGG GACTGAGAGG GCCCCTACCA ACCTTTGCCT CTGCCTTGGA GGGAGGGGAG1380
GTCTGTTACC ACTGGGGAAG GCAGCAGGAG TCTGTCCTTC AGGCCCCACA GTGCAGCTTC1440
TCCAGGGCCG ACAGCTGAGG GCTGCTCCCT GCATCATCCA AGCAATGACC TCAGACTTCT1500
GCCTTAACCA GCCCCGGGGC TTGGCTCCCC CAGCTCTGAG CGTGGGGGCA TAGGCAGGAC1560
CCCCCTTGTG GTGCCATATA AATATGTACA TGTGTATATA GATTTTTAGG GGAAGGAGAG1620
AGGGAAGGGT CAGGGTAGAG ACACCCCTCC CTTGCCCCTT TCCTGGGCCC AGAAGTTGGG1680
GGGAGGGAGG GAAAGGATTT TTACATTTTT TAAACTGCTA TTTTCTGAAT GGAACAAGCT1740
GGGCCAAGGG GCCCAGGCCC TGTCCTCTGT CCCTCACACC CCTTTGCTCC GTTCATTCAT1800
TCAAAAAAAC ATTTCTTGAG CACCTTCTGT GCCCAGCATA TGCTAGGCCC ACCAGCTAAG1860
TGTGTGTGGG GGGTCTCTAC GCCAGCTCAT CAGTGCCTCC TTGCCCATCC TTCACCGGTG1920
CCTTTGGGGG ATCTGTAGGA GGTGGGACCT TCTGTGGGGT TTGGGGATCT CCAGGAAGCC1980

CGACCAAGCT GTCCCCTTCC CCTGTGCCAA CCCATCTCCT ACAGCCCCCT GCCTGATCCC2040
CTGCTGGCTG GGGGCAGCTC CCAGGATATC CTGCCTTCCA ACTGTTTCTG AAGCCCCTCC2100
TCCTAACATG GCGATTCCGG AGGTCAAGGC CTTGGGCTCT CCCCAGGGTC TAACGGTTAA2160
GGGGACCCAC ATACCAGTGC CAAGGGGGAT GTCAAGTGGT GATGTCGTTG TGCTCCCCTC2220
CCCCAGAGCG GGTGGGCGGG GGGTGAATAT GGTTGGCCTG CATCAGGTGG CCTTCCCATT2280
TAAGTGCCTT CTCTGTGACT GAGAGCCCTA GTGTGATGAG AACTAAAGAG AAAGCCAGAC2340
CCCTAAAAAA AAAAAAAAAA AAAAAAAAA 2369

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 224:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
(A) LÄNGE:849 Basenpaare
(B) TYP: Nukleinsäure
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNAs

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 224:

CGAAACGTGC GCAGGCGCCG GCCGCTGCGC TGCAGATGGC GGAAATGGAT CCGGTAGCCG 60
AGTTCCCCCA GCCTCCCGGT GCTGCGCGCT GGGCTGAGGC CCTTCTGCGA TGTTTTACCT 120
GGCTGCGGCT GTGTCAGATT TCTATGTTCC TGTCTCTGAA ATGCCTGAAC ACAAGATCCA 180
GTCATCTGGG GGCCCACTGC AGATAACAAT GAAGATGGTG CCAAAACTGC TTTCTCCTTT 240
GGTTAAAGAT TGGGCTCCCA AAGCATTTAT AATTTCCTTT AAGTTGGAGA CTGACCCCGC 300
CATTGTAATT AATCGAGCTC GGAAGGCTTT GGAAATTTAT CAGCATCAAG TGGTGGTGGC 360
TAATATCCTT GAGTCACGAC AGTCCTTTGT GTTTATTGTA ACCAAAGACT CGGAAACCAA 420
GTTATTGCTA TCAGAGGAAG AAATAGAAAA AGGCGTAGAG ATAGAAGAGA AGATAGTGGA 480
TAATCTTCAG TCTCGACACA CAGCTTTTAT AGGTGACAGA AACTGAAGTA AAAAGCCCTT 540
ATAGGATCAA AAATTGTTCA GGGCTCTTAG AGATGGTGAA AACTACAAAA AAAACCATGG 600
CTTTCATATG GACAGATAAA ATGAAAGAGA GGGAAAAGGC AGTGGTGTGT AGGCAAATAT 660
GGTTTGGCAT TTGTCTTTTA ATGACACCTG ATATGATGTC ATTTTGATTT TGAAATTGAA 720
CACTAGAACT GTTAATCACC TTTAAAAAGG AAGAGCTTAT TGGGGATTAT ATATTCCTTA 780
AAAATATACA TGGGGGCCTG AATGTCAGCC ATCTGTATAC TGTGGGGAAA AGGGGTTTGG 840
GTGCAATTC 849

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 225:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
(A) LÄNGE:1502 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNAs

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 225:

```
CCTTACCGGC AGGGCTGCCC AGGAGCTGCA GGACAAGCAC CAGGAGCCCC TCCGGGTAGC   60
TACTACCCTG GACTCCCCTC TGGAACTCCA GGAGGACCAT ATGGCGGTGC AGCTCCCGGG  120
GGCCCCTATG GTCAGCCACC TCCAAGTTCC TACGGTGCCC AGCAGCCTGG GCTTTATGGA  180
CAGGGTGGCG CCCCTCCCAA TGTGGATCCT GAGGCCTACT CCTGGTTCCA GTCGGTGGAC  240
TCAGATCACA GTGGCTATAT CTCCATGAAG GAGCTAAAGC AGGCCCTGGT CAACTGCAAT  300
TGGTCTTCAT TCAATGATGA GACCTGCCTC ATGATGATAA ACATGTTTGA CAAGACCAAG  360
TCAGGCCGCA TCGATGTCTA CGGCTTCTCA GCCCTGTGGA AATTCATCCA GCAGTGGAAG  420
AACCTCTTCC AGCAGTATGA CCGGGACCGC TCGGGCTCCA TTAGCTACAC AGAGCTGCAG  480
CAAGCTCTGT CCCAAATGGG CTACAACCTG AGCCCCCAGT TCACCCAGCT TCTGGTCTCC  540
CGCTACTGCC CACGCTCTGC CAATCCTGCC ATGCAGCTTG ACCGCTTCAT CCAGGTGTGC  600
ACCCAGCTGC AGGTGCTGAC AGAGGCCTTC CGGGAGAAGG ACACAGCTGT ACAAGGCAAC  660
ATCCGGCTCA GCTTCGAGGA CTTCGTCACC ATGACAGCTT CTCGGATGCT ATGACCCAAC  720
CATCTGTGGA GAGTGGAGTG CACCAGGGAC CTTTCCTGGC TTCTTAGAGT GAGAGAAGTA  780
TGTGGACATC TCTTCTTTTC CTGTCCCTCT AGAAGAACAT TCTCCCTTGC TTGATGCAAC  840
ACTGTTCCAA AAGAGGGTGG AGAGTCCTGC ATCATAGCCA CCAAATAGTG AGGACCGGGG  900
CTGAGGCCAC ACAGATAGGG GCCTGATGGA GGAGAGGATA GAAGTTGAAT GTCCTGATGG  960
CCATGAGCAG TTGAGTGGCA CAGCCTGGCA CCAGGAGCAG GTCCTTGTAA TGGAGTTAGT 1020
GTCCAGTCAG CTGAGCTCCA CCCTGATGCC AGTGGTGAGT GTTCATCGGC CTGTTACCGT 1080
TAGTACCTGT GTTCCCTCAC CAGGCCATCC TGTCAAACGA GCCCATTTTC TCCAAAGTGG 1140
AATCTGACCA AGCATGAGAG AGATCTGTCT ATGGGACCAG TGGCTTGGAT TCTGCCACAC 1200
CCATAAATCC TTGTGTGTTA ACTTCTAGCT GCCTGGGGCT GGCCCTGCTC AGACAAATCT 1260
GCTCCCTGGG CATCTTTGGC CAGGCTTCTG CCCTCTGCAG CTGGGACCCC TCACTTGCCT 1320
GCCATGCTCT GCTCGGCTTC AGTCTCCAGG AGACAGTGGT CACCTCTCCC TGCCAATACT 1380
TTTTTTAATT TGCATTTTTT TTCATTTGGG GCCAAAAGTC CAGTGAAATT GTAAGCTTCA 1440
ATAAAAGGAT GAAACTCTGG AAAAAAAAAA AAAAAAAAAA AAAAAAAAAA AAAAAAAAAA 1500
AA                                                                1502
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 226:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
(A) LÄNGE:1892 Basenpaare
(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNAs

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 226:

```
CATAATTCGC TTTAGAGTCA TTTTTCCAGC AATGTTTAAA TTACTTTCTC ATTCTTTTAG  60
TGTATTCAAC ATTGTCTGCC TCTTCCTGCA GTTGATGTAA TTGCTTTGTT TGCAATAGCA 120
CAAGCTGCAT TATTCCAGTC AGGACTGTGA TAACTTGCTG CCAGCCCCAC TCAACTTTCA 180
GTTGGCTCTG TGTCAGTTTT CCACTCAGTG TTAACTACTT GTTACTGCCA TGCTGCTTGC 240
CCTCCCTTGA AGTGTCTATA AGCTCATCAC AGCCTAGAGT TAAGTAAAGT CAATTCACAG 300
AAGCACAATT TTGCCCTTTG CGAGACATTG TTGCCTCTAT CTAGTCCTAC AAGTAGGGTT 360
TTGCATACTG TGTTTGCCCC TAGGGTTGTC AGTGCATCAG AAATACTTCT AAATAGTGGT 420
AAAAATGCAC ATGGTTAATG CACATGTTAC TTTTAAATCA TTAGGATATC CCTCACCTGT 480
TCCTGATGAA TAAAAAGTGT GTTAAAGACC AAAATTCTTG GCATAATAAT CAGCTACATA 540
CAAATCACAT ATAGTTTAAT CTTTTTTAAT GGAAAAAAAA TCATGTTTAA AATGGCAAAA 600
GCCCATCTTA TACACTTTTA TATAGCTGCA AAAAATTTAT ATCTGTACAG ATCTAACACT 660
ACGACACTCA GTATTCATTT TATTGAAGCA TGCAAGTAAA GCACTTTTTC TAATTTATAT 720
AGAGGTATCT AATTAACACA GCACATTGTA CTAATGACTA GGAGTAGCAG CTTTTTCTTC 780
TCTCCCTCTA TGAATTCTTA TAATGTCCCT TTTTCTGTAA GTTTTTGAGA GGCAATTGGC 840
AATTTAGGAG GCAGCAGGGT CTGTTTTGGT CAAATCTTGA ATTTCGTTGT TGCACTCTAG 900
TGACTGATCT TTGGGAATGT CTTGTCTTTG CATGGGGCTC ATAGAGATGT GTGCAGACTT 960
GCTTATTGTG GTTAGTGTGT ATCAGGAACA CACACACAGG TGTTCTGACC AGCTCAGGCT1020
TGCCACAGTG AGCAACTCTG TGGCTAGCAA AAGAGAAGTT TATTTGTGCC CAGCCATTGG1080
TCACCTTGGG TGATGCACCA GATAGCAGGC AGATGTTGGT TCATTGGCCT TCGTCCTCTT1140
TCCTCCTAAA ATAATATTGG CTTTACCATC TTAACTCAGC TGTGGGTTTT TTGTGGGTTC1200
TTGTTTGTTT TTTGGCATGA ATTGTCATCT TTGGTGTTTT TTTAACCCCC AGCCCCTCAA1260
AAAAATAAGG CCTCCAGGTA TCAAGATCTC ATATTAGGAT TTTCTGTCCT TAATTTTTTG1320
AGCAAAATCT GGAAAATGTG AAAGCATATT TAGATTTTAT ATACTATCTG AAATGTGATT1380
TGTTAAGATT CTTAAATTTG GGCCTCTTAG AATAATTTTG AATGAGATCT ACCGACTCAC1440
TTGTGAGAAT ATTTTTCACA GATTATCTTT GGGCCTTTTC ATTAGAAAGC TGTTTGTTTG1500
TCCCCCTGTT GGTACATTTG GTTACCTCAT TTTGCCGTTT CAGATTGTGA AAGCTCACAG1560
GGGTGTTTTT TGGAATCATT TGCTGAGTCA TTTTCTCAAA TCATATTCCA TTGTATCAGT1620
TAACATATAG TTTTAAATGT ATGTATTATA AATATCTGTA ACCAAATCAT TTGAAGGCTT1680
GATAAATTTT TAACAAAGTT TGTACATTTT TTATGAAAGT TACTAGTAAT GCTTTACTAA1740
GTAGTGCAAT GAATTTTTAT TTTTAATCCC TGTGCCCAAT TTTGGAGTTG AGAGGGTTGT1800
TGGTAATAAA TGTATGATGT ACACTTAAAA AAAAAAAAAA AAAAAAAAAA AAAAAAAAAA1860
AAAAAAAAAA AAAAAAAAAA AAAAAAAAAA AA                              1892
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 227:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
(A) LÄNGE:1522 Basenpaare
(B) TYP: Nukleinsäure
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNAs

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 227:

```
CAGGAGTGCG GACCAGCGGG TGCCTGTAGT GGGTGGAATT GGGGTCTGCA CTTGCCCCTC   60
CGCCCCCAGG TGGGAGTCAC CTGGAGCGTG AAGGGACGTG TCTCATCCCC AGTGTGTCGG  120
ACCCTGGAGA CACAGCCGCA GAGCAGCCCC TTCTCATGCA TGGACCTCAC CTACGTCAGC  180
CTGCTACTCC AGGAGTTCGG CTTTCCCAGG AGCAAAGTGC TGAAGCTCAC TCGGAAAATT  240
GACAATGTTG AGACCAGCTG GGCTCTGGGG GCCATTTTTC ATTACATCGA CTCCCTGAAC  300
AGACAGAAGA GTCCAGCCTC ATAGTGGCCG AGCCATCCCT GTCCCCGTCA GCAGTGTCTG  360
TGTGTCTGCA TAAACCCTCC TGTCCTGGAC GTGACTTCAT CCTGAGGAGC CACAGCACAG  420
GCCGTGCTGG CACTTTCTGC ACACTGGCTC TGGGACTTGC AGAAGGCCTG GTGCTGCCCT  480
GGCATCAGCC TCTTCCAGTC ACATCTGGCC AGAGGGCTGT CTGGACCTGG GCCCTGCTCA  540
ATGCCACCTG TCTGCCTGGG CTCCAAGTGG GCAGGACCAG GACAGAACCA CAGGCACACA  600
CTGAGGGGGC AGTGTGGCTC CCTGCCTGTC CCATCCCCAT GCCCCGTCCG CGGGGCTGTG  660
GCTGCTGCTG TGCATGTCCC TGCGATGGGA GTCTTGTCTC CCAGCCTGTC AGTTTCCTCC  720
CCAGGGCAGA GCTCCCCTTC CTGCNAGAGT CTGGGAGGCG GTGCAGGCTG TCCTGGCTGC  780
TCTGGGGAAG CCGAGGGACA GCCATAACAC CCCCGGGACA GTAGGTCTGG GCGGCACCAC  840
TGGGAACTCT GGACTTGAGT GTGTTTGCCT CTTCCTTGGG TATGAATGTG TGAGTTCACC  900
CAGAGGCCTG CTCTCCTCAC ACATTGTGTG GTTTGGGGTT AATGATGGAG GGAGACACCT  960
CCTCATAGAC GGCAGGTGCC CACCTTTCAG GGAGTCTCCC AGCATGGGCG GATGCCGGGC 1020
ATGAGCTGCT GTAAACTATT TGTGGCTGTG CTGCTTGAGT GACGTCTCTG TCGTGTGGGT 1080
GCCAAGTGCT TGTGTAGAAA CTGTGTTCTG AGCCCCCTTT TCTGGACACC AACTGTGTCC 1140
TGTGAATGTA TCGCTACTGT GAGCTGTTCC CGCCTAGCCA GGGCCATGTC TTAGGTGCAG 1200
CTGTGCCACG GGTCAGCTGA GCCACAGTCC CAGAACCAAG CTCTCGGTGT CTCGGGCCAC 1260
CATCCGCCCA CCTCGGGCTG ACCCCACCTC CTCCATGGAC AGTGTGAGCC CCGGGCCGTG 1320
CATCCTGCTC AGTGTGGCGT CAGTGTCGGG GCTGAGCCCC TTGAGCTGCT TCAGTGAATG 1380
TACAGTGCCC GGCACGAGCT GAACCTCATG TGTTCCACTC CCAATAAAAG GTTGACAGGG 1440
AAAAAAAAAA AAAAAAAACT CGAGCGGAAC GAGCTCACTT TCTTCTAGCT GAGCTTTAAA 1500
ACATTAGAGC TTAAATTTTC AG                                          1522
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 228:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
(A) LÄNGE:2016 Basenpaare
(B) TYP: Nukleinsäure
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNAs

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 228:

GAGAAAATGG AGGCCTTTGG GGAAGGGGCA GGGTGGGAGG ATTTCTTCTC CACACAGACC 60
TTAACCTTCC AATCTATTCT GCAGATGAAG AATGCCGACT ACTTCTCCAA CTATGTCACA 120
GAGGACTTTA CCACCTACAT TAACAGGAAG CGGAAAAACA ATTGCCATGG CAACCACATT 180
GAGATGCAGG CCATGGCAGA GATGTACAAC CGTCCTGTGG AGGTGTACCA GTACAGCACA 240
GAACCCATCA ACACATTCCA TGGGATACAT CAAAACGAGG ACGAACCCAT TCGTGTTAGC 300
TACCATCGGA ATATCCACTA TAATTCAGTG GTGAATCCTA ACAAGGCCAC CATTGGTGTG 360
GGGCTGGGCC TGCCATCATT CAAACCAGGG TTTGCAGAGC AGTCTCTGAT GAAGAATGCC 420
ATAAAAACAT CGGAGGAGTC ATGGATTGAA CAGCAGATGC TAGAAGACAA GAAACGGGCC 480
ACAGACTGGG AGGCCACAAA TGAAGCCATC GAGGAGCAGG TGGCTCGGGA ATCCTACCTG 540
CAGTGGTTGC GGGATCAGGA GAAACAGGCT CGCCAGGTCC GAGGCCCCAG CCAGCCCCGG 600
AAAGCCAGCG CCACATGCAG TTCGGCCACA GCAGCAGCCT CCAGTGGCCT GGAGGAGTGG 660
ACTAGCCGGT CCCCGCGGCA GGGAGTTCAG CCTCGTCACC TGAGCACCCT GAGCTGCATG 720
CTGAATTGGG CATGAAGCCC CCTTCCCCAG GCACTGTTTT AGCTCTTGCC AAACCTCCTT 780
CGCCCTGTGC GCCAGGTACA AGCAGTCAGT TCTCGGCAGG GGCCGACCGG GCAACTTCCC 840
CCCTTGTGTC CCTCTACCCT GCTTTGGAGT GCCGGGCCCT CATTCAGCAG ATGTCCCCCT 900
CTGCCTTTGG TCTGAATGAC TGGGATGATG ATGAGATCCT AGCTTCGGTG CTGGCAGTGT 960
CCCAACAGGA ATACCTAGAC AGTATGAAGA AAAACAAAGT GCACAGAGAC CCGCCCCCAG1020
ACAAGAGTTG ATGGAGACCC AGGGATTGGA CACCATCTCC CAACCCCAGT ACTCCTGCTC1080
TCCGGTGCCA CCTCACCTTC TTTGGCTTCT TCCCTCTTGC CTCCTTCTGT TCTTTCTGCT1140
CTCCCCTCTT TTCCCTCCTC CTCACTTCCC TCTGGCTAGC CCACCCCTGC ACTCTCTCTC1200
ATTGCCGCTG CCACTATCAC CTGTCTCTCT GCCAGCTGAT GTGCCCTGTT GCCCCCCACC1260
CCATCCCGCA CAGAACCATC CCTGCATTCC ACAGGGGACT CGGGCAAGGG TGCCGAAGAT1320
AGACAAGAGG CACACAGAGA CAGACCAACT GGCAGCCAGG CAGCCCCAGA GGAGAGAGAC1380
ATTCAGACAG AGGAAAGTCT CCCTGCCCCT CATTCCTTCC AAGATGAGAA AAACTTGCCG1440
CCACCCCCCG ACACTGATGC CAGGGAGGTG GGAGGAAGAA GTGGGAAATT TCCCTTCCCA1500
GTACCCCCAA GAACGTCTGA GCCTTCAATG TTGAATTTTT TCTTTATTAA AATTACTTTT1560
ATCTTATAAA ATCAACTAAT CAAAAATGAT ATAGACGACA GCACTGGCTC TGTGAAGGTG1620
GCATCTTTCT GGGCAGGCAG GCCATGGGGC ATGGAGGAGG GTGCAAAGAT ATGGGTTGCT1680
GTCTTCTGGC CTCCAGCTGC ATGGAGGCCG GCCCAGGGTC TAGGGTGTGC ACTGGGCAAG1740
GGCAGGGCGG CAGGTGTCAG GCCGGCTTGG ACAATGAAAC CCTGACCTTG CTGCATTCCT1800
TTTGCTTCCA CCACCACTAG CTTCTTTGGA ATCTTGGGGT GGGGGTCATC TTTGGGGATT1860

ATGGCTGCCA CCCGGGATTT GAGTGTAGGG AGTGTGGGAG CAGCCTTGGC AGAAGGGGCA1920
CCCGTGCCCT GCAGGTGTTG ACAAGATCCG CCATCTGTAA TGTCCTTGGC ACAATAAAAC1980
CAAATGTCAG TTTCAAAAAA AAAAAAAAAA AAAGAC 2016

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 229:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
(A) LÄNGE:765 Basenpaare
(B) TYP: Nukleinsäure
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNAs

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 229:

CCGGATTCCG CCCCGCCCGC TGCGATCCGG TTCCGCTCCC CACAACCCGC TCTGTGGCGG 60
GGCTTCCGGT CGGGAGGGTC CGCCAGCTCT CGCGTCCTTT GCTGGGTCCA GACACCGGTT 120
CCGTTGCAAA CATTTTTAAA GGGCTGGTTA TTCTTCCTGA AATGAGTTTG GTGATTAGAA 180
ATCTGCAGCG AGTCATCCCC ATCAGGAGAG CGCCACTTCG CAGTAAGATC GAGATTGTAA 240
GGAGGATTTT AGGAGTGCAG AAATTTGACC TGGGGATCAT CTGTGTTGAC AACAAGAATA 300
TTCAGCACAT TAATAGAATC TACAGAGATA GAAATGTCCC AACCGATGTG CTTTCTTTTC 360
CATTTCATGA GCATCTGAAA GCAGGTGAAT TTCCCCAGCC TGATTTTCCA GATGACTACA 420
ATTTGGGAGA CATTTTCCTA GGAGTGGAGT ATATCTTCCA TCAGTGTAAA GAAAATGAAG 480
ATTACAATGA CGTCCTGACT GTGACGGCCA CCCACGGACT CTGTCACTTG CTGGGATTCA 540
CACACGGCAC GGAGGCAGAG TGGCAGCAGA TGTTCCAGAA GGAGAAGGCG GTGCTGGACG 600
AGCTGGGCCG ACGCACGGGG ACCCGGCTGC AAGCCCTGAC CCGGGGCCTC TTCGGAGGGA 660
GCTGAGGGCC GCGTTCCTTC TGAAAGCGGG ACGCGGGAGG GGTGGAGGCT GCGGGGAGCC 720
GGGGTCGCAC ACAAATAAAT AACGAATGAA CGTAAAAAAA AAAAA 765

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 230:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
(A) LÄNGE:1611 Basenpaare
(B) TYP: Nukleinsäure
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNAs

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 230:

CTGCTTGGCG CGACGCTCTA GCGGTTACCG CTGCGGGCTG GCTGGACCGT AGTGGGGCTG 60
CGCGGCTGCC ACGGAGCTAG AGGGGTTAAA AACTAATATT TATATGACAG AAGAAAAAGA 120
TGTCATTCCG TAAAGTAAAC ATCATCATCT TGGTCCTGGC TGTTGCTCTC TTCTTACTGG 180
TTTTGCACCA TAACTTCCTC AGCTTGAGCA GTTTGTTAAG GAATGAGGTT ACAGATTCAG 240
GAATTGTAGG GCCTCAACCT ATAGACTTTG TCCCAAATGC TCTCCGACAT GCAGTAGATG 300
GGAGACAAGA GGAGATTCCT GTGGTCATCG CTGCATCTGA AGACAGGCTT GGGGGGGCCA 360
TTGCAGCTAT AAACAGCATT CAGCACAACA CTCGCTCCAA TGTGATTTTC TACATTGTTA 420
CTCTCAACAA TACAGCAGAC CATCTCCGGT CCTGGCTCAA CAGTGATTCC CTGAAAAGCA 480
TCAGATACAA AATTGTCAAT TTTGACCCTA AACTTTTGGA AGGAAAAGTA AAGGAGGATC 540
CTGACCAGGG GGAATCCATG AAACCTTTAA CCTTTGCAAG GTTCTACTTG CCAATTCTGG 600
TTCCCAGCGC AAAGAAGGCC ATATACATGG ATGATGATGT AATTGTGCAA GGTGATATTC 660
TTGCCCTTTA CAATACAGCA CTGAAGCCAG GACATGCAGC TGCATTTTCA GAAGATTGTG 720
ATTCAGCCTC TACTAAAGTT GTCATCCGTG GAGCAGGAAA CCAGTACAAT TACATTGGCT 780
ATCTTGACTA TAAAAAGGAA AGAATTCGTA AGCTTTCCAT GAAAGCCAGC ACTTGCTCAT 840
TTAATCCTGG AGTTTTTGTT GCAAACCTGA CGGAATGGAA ACGACAGAAT ATAACTAACC 900
AACTGGAAAA ATGGATGAAA CTCAATGTAG AAGAGGGACT GTATAGCAGA ACCCTGGCTG 960
GTAGCATCAC AACACCTCCT CTGCTTATCG TATTTTATCA ACAGCACTCT ACCATCGATC1020
CTATGTGGAA TGTCCGCCAC CTTGGTTCCA GTGCTGGAAA ACGATATTCA CCTCAGTTTG1080
TAAAGGCTGC CAAGTTACTC CATTGGAATG GACATTTGAA GCCATGGGGA AGGACTGCTT1140
CATATACTGA TGTTTGGGAA AAATGGTATA TTCCAGACCC AACAGGCAAA TTCAACCTAA1200
TCCGAAGATA TACCGAGATC TCAAACATAA AGTGAAACAG AATTTGAACT GTAAGCAAGC1260
ATTTCTCAGG AAGTCCTGGA AGATAGCATG CGTGGGAAGT AACAGTTGCT AGGCTTCAAT1320
GCCTATCGGT AGCAAGCCAT GGAAAAAGAT GTGTCAGCTA GGTAAAGATG ACAAACTGCC1380
CTGTCTGGCA GTCAGCTTCC CAGACAGACT ATAGACTATA AATATGTCTC CATCTGCCTT1440
ACCAAGTGTT TTCTTACTAC AATGCTGAAT GACTGGAAAG AAGAACTGAT ATGGCTAGTT1500
CAGCTAGCTG GTACAGATAA TTCAAAACTG CTGTTGGTTT TAATTTTGTA ACCTGTGGCC1560
TGATCTGTAA ATAAAACTTA CATTTTTCAA AAAAAAAAAA AAAAAAAAGA T 1611

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 231:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
(A) LÄNGE:1473 Basenpaare
(B) TYP: Nukleinsäure
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNAs

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 231:

```
GGTGTGGTCC TCAGGGGGCT GTAGGGTGGG AGGTATGGCT TCAGGTGCCA AGTTGGCGGG   60
AACGGCAGCG AGGAGGCCTG GGGGGCACTT CGGGCGCCGC AACAGCAGGT ATCCCAATAG  120
CTCCAAAACC TATCACGACA GCCATTTGTC TCTTTCCCCT TTCCTTGTCC CTTCCTTTTG  180
GGGGTGGGGG AGGAACTCAC GGAGCCAAAG GTACTGTGAA GTTCCTAAAC ATGTCTCTTC  240
CACTCTTTGT CTAAACTTTG TAACGTAGAT GCAGCTGACT TTGCCTGTAG CCTCATAGAA  300
CCCATCCCAT GGCTGCAGTG GAAGCTTGCG GTGGCTCTCC AGTGACCAGA GGCATAGTGA  360
GGTCCCAGGG AGGCTCCCTC TGTCTTGCAA CAGTTATTTG TGATCTTTTT CTATGTGCCT  420
ATTGTCACAA CAGAGTCCGG CAGCGTCTTC TCTTGAGGGA GCAATTTGGA GAAGAGCTGG  480
AACCCAGACT CGCGCCCTGG ATGCCATCCT TTATCATCCA CAGCAATCCC ATCTGGTTGG  540
GAGCACTGCT CTGGGTCTCA CACTGCCCCT CCTCTATCCT AGGGAGCCTG AGGCCCAGGG  600
GTGGAAAGAT CCAGTTGCGG GTGGGGGGTA GTGAACCGTG CAGGATAATG AAAGCAACTT  660
GCTTTGGAAA TGACCTACCG CTACCCGTTG TCTGAGACTG AGATTATCTC AGACTGTCTT  720
CTGGCTTCTG CCAAAACACT CCCTTAACAG AAAGCACCGA GGGGATGGGG GTAGGGGGGT  780
TGGGGAGAGT GAGGCTTGAG TGTGAAGGAA GTCTCATATA TGCAGAGCTG AAATCTCCCT  840
CTTTGTATGT CCACACTTTT GTCTTGTTCT CTAGACTGAT TCTTGCTATT CCAAATCCTC  900
TTCCACGTTG ACAGCCCTTC AGATATTTCA ACACTCCTCT CAGCATCCTC CACTTCCCCC  960
ATCTCTCCAA GCTGAACTTG GTTCACAGGG TGGGATTGTG TATGTGCATG CAGGAGGTGG 1020
GGGTGGACAG TGCCCTGGGC TGGAATCCCC CTTAGTTCTA AGTGCCTCCT TGCCCGCAGC 1080
TTCGAGAGCT GTGCCCAGGA GTGAACAACC AGCCCTACCT CTGTGAGAGT GGTCACTGCT 1140
GCGGGGAGAC TGGCTGCTGC ACCTACTACT ATGAGCTCTG GTGGTTCTGG CTGCTCTGGA 1200
CTGTCCTCAT CCTCTTTAGC TGCTGTTGCG CCTTCCGCCA CCGACGAGCT AAACTCAGGC 1260
TGCAACAACA GCAGCGGCAG GTGGAAATCA ACTTGTTGGC CTATCATGGG GCATGCCATG 1320
GGGCTGGTCC TTTCCCTACC GGTTCACTGC TTGACCTTCG CTTCCTCAGC ACCTTCAAGC 1380
CCCCAGCCTA CGAGGATGTG GTTCACCGCC CAGGCACAAC GAGCCCCCCC TTATACTGTG 1440
GCCCCAAGGC GCCCCTTGAG GTTGTTTCAA GTG                              1473
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 232:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
(A) LÄNGE:2503 Basenpaare
(B) TYP: Nukleinsäure
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNAs

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 232:

GAAACATGCA ACTGAACAGG AAAAAACTGA AGAGGGATTA GGCCCTAATG TAAAAGGCAT 60
TGTCACCATG TTGATGCTGA TGCTATTGAT GATGTTTGCG GTCCACTGTA CCTGGGTCAC 120
AAGCAATGCC TACTCTAGTC CAAGTGTAGT CCTGGCCTCA TACAATCATG ATGGCACCAG 180
GAATATCTTA GATGATTTTA GAGAAGCTTA CTTTTGGCTA AGGCAAAATA CAGATGAACA 240
TGCACGAGTA ATGTCTTGGT GGGATTATGG CTATCAGATA GCTGGAATGG CTAATAGAAC 300
TACGTTGGTG GATAATAACA CCTGGAATAA CAGCCACATA GCACTGGTGG GAAAAGCTAT 360
GTCTTCTAAT GAAACAGCAG CCTATAAAAT CATGAGGACT CTAGATGTAG ATTATGTTTT 420
GGTTATTTTT GGAGGGGTTA TTGGCTATTC TGGTGATGAT ATCAACAAAT TTCTCTGGAT 480
GGTTAGGATA GCTGAAGGAG AACATCCCAA AGACATTCGG GAAAGTGACT ATTTTACCCC 540
ACAGGGAGAA TTCCGTGTAG ACAAAGCAGG ATCCCCTACT TTGTTGAATT GCCTTATGTA 600
TAAAATGTCA TACTACAGAT TTGGAGAAAT GCAGCTGGAT TTTCGTACAC CCCCAGGTTT 660
TGACCGAACA CGTAATGCTG AGATTGGAAA TAAGGACATT AAATTCAAAC ATTTGGAAGA 720
AGCCTTTACA TCAGAACACT GGCTTGTTAG GATATATAAA GTAAAAGCAC CTGATAACAG 780
GGAGACATTA GATCACAAAC CTCGAGTCAC CAACATTTTC CCAAAACAGA AGTATTTGTC 840
AAAGAAGACT ACCAAAAGGA AGCGTGGCTA CATTAAAAAT AAGCTGGTTT TTAAGAAAGG 900
CAAGAAAATA TCTAAGAAGA CTGTTTAAAT GCACTGTTCT GGTTCCTAAC TTGAAGCAGT 960
TGTCCTTGTG AGAACCGGTC TTTGCCTTTA GCTCATGTCG TGTTTCACAG CAAAGAGGGT1020
ACAGAACCAT CACTGGTCCA GGTTAATGTA CAAAATTTTC TGGCAATGCC TGATTAAAAA1080
AATAAAATTG GCTTGTTGAG AACAGCTGTT TTCGATTTCT AATGTGAAGC AAGACAGAGC1140
ACTGCTGTAA ATGTCTAGCA GCAGATTTTT TTTTTATTGG TACATATTAT CCTTCAAATC1200
TGAGAATTTG GACTAACTGC ACCAAAGAAC CCTCTAATTT GGTCCCTGGC ACATGCATAC1260
TTGTCAATGT TTTTATTCTT TTACAAGACC TGCATTTTAT TTGAATTACC CGAATAGCAA1320
TATGTAAAAT ACAAGTGACA AAATGTGATG AGAGCTTCTT GAACCGGTAA ACTAGTACAG1380
GTCTGAGAAA GACATATTAG AAGAATCATT ATACTTCCTT GAATTATATT TATTTTCATG1440
TTTCTCTAAT GCAAAGAATG TTTCATCAAA TGTATATTTT CTGTTGCTTA CTGTTTGCTC1500
TGAGAAGAAG CTGCTGTTTC AAAGATGGAC CTCTGAGTAG CTAATTGATT CAAGTAGTTT1560
TTTTATGTTG ACACATTATT ACTGCTGTTA GCAGTCGTTT TCACCAGGTA CTTACAGAGC1620
AGATTTCATA CATCATTCAT TCAAGGGCTA AATTTATATT TTTTGGAAAT CATGGCAACT1680
ACACAGGATG TTGCTTACCA GGACGGAGTT TTGGTATCTT AGTACTGAAG TTAGCACTAT1740
GTTTACATGC AAAAGATTAA GGAAAAAACC CTTAAAGTGG ACAGGTATCC AAAGTTCATT1800
TTCTGTGACT CATCAAAGTG ACAAAAGACT TGTAACAACT TTGCCTGGAC TTTTTTCATT1860
TTACAACAGT TCATCCATTC ACAATGATTT TGTTCTCTGC TCCATATTTT TTAATCCCTT1920
AAGCATTTGA TGAAACACTC TTTAGTGCTA TATGCATTTT CTTACTTTTG TTAAAAATGT1980
GACAATTGTC AAAAAATGCA CTAAAATGTA AATGGAGATT GAACAAGTTC ACTTTCCAGC2040
TTATAGGCAA CTTTATACAG ACTTGAACAT TTTCTCCAGT TGTTTAGTAA AAGTGAAAGA2100
GAAAGGGTTT TTCCTGCCAC AGGATATAAC TTTTTTTTAT ATAACAAGCA TAACACACCA2160
CTGCTTTTGG TGGAAAAGTG CAGAATAGTA TGTACCTTTT ATGAAGAAAA ATGTAATTTA2220
CAATATTCAG TGAGAATGTT ACTGCTGATT TTCTTTTCCA AGGTGTAGAA TATTCTTTGA2280
TTTATAGAAT TCATTTTTGA CCCAGATGAT GGTTCCTTTA CAGAACAATA AAATGGCTGA2340
ACATTTTCAC AAATAGAGTG TAACGAAGTC TGGATTTCTG ATACCTTGTC ATTTGGGGGA2400

TTTTATTTTA CTTTGTTGCT TTAAAATTCA ATGCAGAGAA GTTGTTGACT GTAGGGGAAA2460
TAAAGTTAAT TCAAATTTTG AAAAAAAAAA AAAAAAGTCG ACG 2503

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 233:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
(A) LÄNGE:1756 Basenpaare
(B) TYP: Nukleinsäure
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNAs

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 233:

AAGCAACCTC GTTTATGTCT TATCTTTGCA TTTTCCTGTA TTCAGCTATT TTCTTAAAGG 60
AAGGCCCAGG TCTGTATTAT CCTACTGCCA CATAGGAAGT AAAATGAGTA CTCACAGCCT 120
TGCGCCTAAT CACTGAACAC AGCTTTTAGT AATGTTTTAC ACAAGAACAG GATATTGGCA 180
ACTCAACTGT TAAGCCTTTC TGTGATTATT CTTCCTTGAG ATCACTCTGA TGTCACCAGT 240
GTAATTTGAG CCTGGAGCTT TTGTTCACAC TTTAAATAGC AGTCCCAGAA TGATTTCACT 300
ACAGACTCTC TGGAAAGCCT GGGAGCTGAA TTCCGGAAGA TCCCCACATC GATGAAAGCA 360
AAGCGAAGCA CCAAGCCATC ATCATGTCCA CGTCGCTACG AGTCAGCCCA TCCATCCATG 420
GCTACCACTT CGACACAGCC TCTCGTAAGA AAGCCGTGGG CAACATCTTT GAAAACACAG 480
ACCAAGAATC ACTAGAAAGG CTCTTCAGAA ACTCTGGAGA CAAGAAAGCA GAGGAGAGAG 540
CCAAGATCAT TTTTGCCATA GATCAAGATG TGGAGGAGAA AACGCGTGCC CTGATGGCCT 600
TGAAGAAGAG GACAAAAGAC AAGCTTTTCC AGTTTCTGAA ACTGCGGAAA TATTCCATCA 660
AAGTTCACTG AAGAGAAGAG GATGGATAAG GACGTTATCC AAGAATGGAC ATTCAAAGAC 720
CAAGTGAGTT TGTGAGATTC TAACAGATGC AGCATTTTGC TGCTACCTTA CAAGCTTCTC 780
TTCTGTCAGG ACTCCAGAGG CTGGAAAGGG ACCGGGACTG GAAAGGGACC AGGACTGAAC 840
AGACTGGTTA CAAAGACTCC AAACAATTTC ATGCCCTGTG CTGTTACAGA GGAGAACAAA 900
ATGCTTTCAG CAAGGATTTG AAAACTCTTC CGTCCCTGCA GGAAAGGATT GATGCTGATA 960
GAAGAGCCTG GACAGATGTA ATGAGAACTA AAGAAAACAG ATGGCTGGAG ATGACATTTA1020
TCCAGGGTCA CTTTGTCAGG CCCTAGGACT TAAATCGAAG TTGAACTTTT TTTTTTTTTT1080
AACCAAATAG ATAGGGGAGG GGAGGAGGGA GAGGGAGGAC AGGGAGAGAA AATACCATGC1140
ATAAATTGTT TACTGAATTT TTATATCTGA GTGTTCAAAA TATTTCCAAG CCTGAGTATT1200
GTCTATTGGT ATAGATTTTT AGAAATCAAT AATTGATTAT TTATTTGCAC TTATTACAAT1260
GCCTGAAAAA GTGCACCACA TGGATGTTAA GTAGAAATTC AAGAAAGTAA GATGTCTTCA1320
GCAACTCAGT AAAACCTTAC GCCACCTTTT GGTTTGTAAA AGGTTTTTTA TACATTTCAA1380
ACAGGTTGCA CAAAAGTTAA AATAATGGGG TCTTTTATAA ATCCAAAGTA CTGTGAAAAC1440
ATTTTACATA TTTTTTAAAT CTTCTGACTA ATGCTAAAAC GTAATCTAAT TAAATTTCAT1500

ACAGTTACTG CAGTAAGCAT TAGGAAGTGA ATATGATATA CAAAATAGTT TATAAAGACT1560
CTATAGTTTC TATAATTTAT TTTACTGGCA AATGTCATGC AACAATAATA AATTATTGTA1620
AACTTTGTGA AAAATAGTCT GTGATGCTTG GTCTCAAAGG AAAAAATAAG ATGGTAAATG1680
TTGATATTTA CAAACTTTTC TAAAGATGTG TCTCTAACAA TAAAAGTTAA TTTTAGAGTA1740
AAAAAAACGG CTCGAG 1756

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 234:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
(A) LÄNGE:1286 Basenpaare
(B) TYP: Nukleinsäure
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNAs

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 234:

GCCTAGGATC CCTGTGACCC TCAACATGAA GATGGTGATG CCCTCCTGTC AAGGCCTTGA 60
TTGAGCATGA AATGAAGAAC GGGATCCCTG CCAATCGAAT CGTCCTGGGA GGCTTTTCAC 120
AGGGCGGGGC CCTGTCCCTC TACACGGCCC TCACCTGCCC CCACCCTCTG GCTGGCATCG 180
TGGCGTTGAG CTGCTGGCTG CCTCTGCACC GGGCCTTCCC CCAGGCAGCT AATGGCAGTG 240
CCAAGGACCT GGCCATACTC CAGTGCCATG GGGAGCTGGA CCCCATGGTG CCCGTACGGT 300
TTGGGGCCCT GACGGCTGAG AAGCTCCGGT CTGTTGTCAC ACCTGCCAGG GTCCAGTTCA 360
AGACATACCC GGGTGTCATG CACAGCTCCT GTCCTCAGGA GATGGCAGCT GTGAAGGAAT 420
TTCTTGAGAA GCTGCTGCCT CCTGTCTAAC TAGTCGCTGG CCCCAGTGCA GTACCCCAGC 480
TCATGGGGGA CTCAGCAAGC AAGCGTGGCA CCATCTTGGA TCTGAGCCGG TCGAGCCCCT 540
GTCCCCACCC TTCCTGACCT GTCCTTTTCC CACAGGCCTC TGGGGGCAGG TGGCAAGGCC 600
TGGCCGGGCC TTCCTTCCTG GCCTTAGCCA CCTGGCTCTG TCTGCAGCAG GGGCAGGCTG 660
CTTTCTTATC CATTTCCCTG GAGGCGGGCC CCCCTGGCAG CAGTATTGGA GGGGCTACAG 720
GCAGCTGGAG AAAGGGGCCC AGCCGCTGAC CCACTCACTC AGGACCTCAC TCACTAGCCC 780
CGCTTTGGGC CCCCTCCTGT GACCTCAGGG TTTGGCCCAT GGGGCCCTCC CAGGCCCCTG 840
CCCCAACTGA TTCTGCCCAG ATAATCGTGT CTCCTGCCTC CACTCAGCTG CTTCTCAGTC 900
ATGAATGTGG CCATGGCCCC GGGGTCCCCT TGCTGCTGTG GGCTCCCTGT CCCTGGGCAG 960
GAGTGCTGGT GAGGAGGTGG AGCCTTTTGA GGGGGGCCTT CCCTCAGCTG TTTCCCCACA1020
CTGGGGGGCT GGGCCCTGCC TCCCCGTTAC CCTCCTTCCC TGCAGGCCTG GAGCCTGTAG1080
GGCTGGACTG AGGTTCAGGT CTCCCCCCAG CTGTCTCACC CCCACTTTGT CCCCACTCTA1140
GAGCAGGGAG GCAGTGGGGG AGGAGTTGTG TCTCGTCTTC TGTCTCCATG TGGTTTTTGG1200
GTGTTTTTCT TGTTGTGTCC TGGATTCCGA TAAAATTAAA GAAATTGCTT CCTCAAAAAA1260
AAAAAAAAAA AAAAAAAAGT CGACGC 1286

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 235:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
(A) LÄNGE:1230 Basenpaare
(B) TYP: Nukleinsäure
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNAs

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 235:

```
ATTCGGCAAC GAGGTGAGAA AATCCCTTTT AAGGCCAAGG AAAGCTGAAT GCTAGCAGCC   60
AGGCCTGTGG TACTTCCATG AGAAACCATA GCAGACAATG CCCTCCCAAG TACTGAAATC  120
ACACTGGAAT CCCCCTTGTT GGGTTCATTT GATTGTTTAA CACAGGATGT GTTGTGTCAT  180
TCTGAAGTTT TTATTTGGGG CAGAAGTCTT TATGGAGATG TAAATGACAG CGTTTCTGGG  240
TTATGCATAA CTTCTCACTG GTCAGAGACA CCGGTGTGTC AAGCATGGAT ATTGCATTGC  300
AAGACTTGAA TCTATAAAAA TTAGAATCAC ACAGTCAGTA CTACAAGCAA AACAGAGAAC  360
CTGAAAGAAG GTGCACAGAC TGTAAGAAAA AACCCAAGTT TGTGATATTT CAGTGATTCC  420
AAAGAACATT CTAGGTTTTT TGTTTGTTTT TTTGTTTTTT GGGTTTTTTT TTTTACTGCA  480
GAAAATTGGT GGTATTTTCA CATTCATAGT GTTTCTATCC AATTTCAGTA CCCACATTTA  540
ATGAGGAAAA AATGTTTTAC CAATGAAGGA GGAATTCTTA AATTAGCTGT AATGTTAGGT  600
TGGAGAAAAT TTGGTATTTA GGGTATTTTC AAGGTACCAT CAAATCAGAT TTCTGTTTTT  660
TTGTTAAAAA AAATTTTTTT AATCAGTATT GTTTTTACAA GTAATATACT TTGAAACTCT  720
TGAACTAATA GTCTCAAAAA CTCTAGAGGA CAGTCTGAGA ACACGTATTT CTATTGTTCT  780
AAATAAATAC ATGTTTTTGA ATAGTTCAAT CATGAATTAT TGACTATGTC TTCATCAAAA  840
GTGTTAATCC CTCTCAGGGT CTCTGGTGAA GACCTTCAAG AGTTTGGTTT TTTCTCCCAG  900
GAAATTGGAA GGTAGAATTG TAAATTCATA GAACTTCTTT TATAATGGTG TACCTCAGCA  960
GCTGCCTTTC AATTTATGCC AAGTCCTTAC AGAGTTTATA CTTGAATAGT AAATATGTCT 1020
TCTGAGTTTT ACAGTGTCTT AAACTCAATG CACATTTTTT TTTCTTCTTT TTCCACCCCT 1080
TCTTGTTTGT AGTTCATTAT ACCTGTCCTA TTACAGAACT GATTTCCTTC CTGGCTGTAC 1140
ATGTTGGGGT GCTGGATTTT TTTCCGTGTC TTTAGTCTTC GGATACATGT TCTCTTCTTT 1200
AGCTTGTGGT GAATACAGTA ATTTGCATTG                                   1230
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 236:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
(A) LÄNGE:2328 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNAs

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 236:

```
TGAGAGTTTA GTTGTAGCAG AGGGGCCACA GACAGAAGCT GTGGTGGTTT TTACTTTGTG   60
CAAAAAGGCA GTGAGTTTCG TGAAGCCTGG AAGTTGGCCA TGTGTCTTAA GAGTGGCTGG  120
ACTTTGACAT GTGGCTGTTT GAATAAGAGA AGGACAAAGG GAGGAGAAAG CACATGTGCT  180
CCAGTGAGTC TTCGTCACTC TGTCTGCCAA GCAATTGATA TATAACCGTG ATTGTGTCTC  240
TGCTTTTCTT CTGAAATGTA GATAACTGCT TTTTGACAAA GAGAGCCTTC CCTCTCCCCC  300
ACCCCTGTGT TCTTGGGTAG GAATGGGAAA AGGGGCAACC TACAAAGATT GTTGGGGCAA  360
GGGAAGTCAC AAGCTTTCGG ATGGGCGGTG GCTTTTCACA AAACATTTAG CTCATCTTAT  420
TCTCTCTTTG TCCTCTCTCC CCTCCTGCCC GCCCGCACCC TGGAATTGCC ACTCAGTTCC  480
TCTGGGTGTG CACATATGTT TGGAGAAATA GAGGAGAGAA AAGAGGGCCA CGTAACTGAG  540
AGCTTACAGT GCCAATGCCG TTTGTGTTCT GGCCAGAGTG GAGTGCGCAG CCTGACTCCC  600
AGGCGCTGAG ATTGTTGCCT GGTTACCCAG GAAGCTGCTG TTCCGGCTGC CCAGCCTTTC  660
TCTGAGCCAG CGGATGCACA GTCCGTGGCC TTCTTCAGGC TTATTGATGA TGCTTTTTGC  720
AAATGTTGAA TCATGGTTCT GTTTCTAAGT TGGATCTTTT TTGTTTTCTC CTTGCCACCC  780
TAATTTGACA TCAAAATTCT CTCTTGTGCA TTGGGCCCTG GGTCATTCAA ACCCAGGTCA  840
CCTCATTCCC CTTCTCTGTT CACACCTAAT GTCTTGAAGA GTAGGTAGCA GCAGTGTGGG  900
CTGAACCTAG GCCAGCTTGC TTAGCGGGTC ACCCTGCTGT GAAGTCCTGG CAGGTGTTGG  960
TAATGTGTGG AAATGCAGTC AGCAAGTTTG CTGGGGAGTT TGATAAAAGT ATAAAACAAA 1020
ACAAAAAAAG CCTCGGTATA ATTTTGTTCC ACGACTTCTT CTGTAGCTTT ACACCAGAAG 1080
GAAGGAATGG GCTACAGCAG GTAGTGGAGG AAGAGGGGGG TGAGCAGGTG TATTAAAATA 1140
GCTTACGGGT AAGGCCTAAA AGGTCACCCC TCGGCCCCCT CTCCAAAAGA AGGGCATGGG 1200
CACCCCCAGG AGAGGATGGC CCCAAAAACC TTATTTTTAT ACATGAGAGT AAATAAACAT 1260
ATTTTTTTTA CAAAAATAAC TTCTGAATTT ATCAGTGTTT TGCCGTTAAA AATATTCCTC 1320
TATAGTAAAT TATTTATTGG AAGATGACTT TTTTAAAGCT GCCGTTTGCC TTGGCTTGGT 1380
TTCATACACT GATTTATTTT TCTATGCCAG GCAGTAGAGT CTCTCTGCCT CTGAGGAGCA 1440
GGCTACCCGC ATCCCACTCA GCCCCTCCCT ACCCCTCAAG ATTTGATGAA AATTCCAACC 1500
ATGAGGATGG GTGCATCGGG GAAGGGTGAG AAGGAGAGCC TGCCTGCTCA GGGATCCAGG 1560
CTCGTAGAGT CACTCCCTGC CCGTCTCCCA GAGATGCTTC ACCAGCACCT GCCTCTGAGA 1620
CCTCGCTCTC TGTTCCAGCA ACCCTGGTTG GGGGGTCAGA CTTGATACAC TTTCAGGTTG 1680
GGAGTGGACC CACCCCAGGG CCTGCTGAGG A GAGCAGC CAGGCCGTCC TGGCTCACTT 1740
TGCAGTTGGC ACTGGGTTGG GGAGGAAGAG AGCTGATGAG TGTGGCTTCC CTGAGCTGGG 1800
GTTTCCCTGC TTGTCCAGTT GTGAGCTGTC CTCGGTGTTA CCGAGGCTGT GCCTAGAGAG 1860
TGGAGATTTT TGATGAAAGG TGTGCTCGCT CTCTGCGTTC TATCTTCTCT CTCCTCCTTG 1920
TTCCTGCAAA CCACAAGATA AAGGTAGTGG TGTGTCTCGA CCCCATCAGC CTCTCACCCA 1980
```

CTCCCAGACA CACACAAGTC CTCAAAAGTT TCAGCTCCGT GTGTGAGATG TGCAGGTTTT2040
TTCTAGGGGG TAGGGGGAGA CTAAAATCGA ATATAACTTA AAATGAAAGT ATACTTTTTA2100
TAATTTTTCT TTTTAAAACT TGGTGAAATT ATTTCAGATA CATATTTTAG TGTCAAGGCA2160
GATTAGTTAT TTAGCCACCA AAAAAAAGTA TTGTGTACAA TTTGGGGCCT CAAATTTGAC2220
TCTGCCTCAA AAAAAAGAAA TATATCCTAT GCAGAGTTAC AGTCACAAAG TTGTGTATTT2280
TATGTTACAA TAAAGCCTTC CTCTGAAGGG AAAAAAAAAA AAAAAAAA 2328

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 237:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
(A) LÄNGE:1767 Basenpaare
(B) TYP: Nukleinsäure
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNAs

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 237:

TGTGACATTG TCCTGAGGTT CATCCGCCTA AATTATTATT AGCCATCCCT TACCAAATAT 60
TTCAAACCAG GCAAATGACT TCTGGAAGAG AGAGAAAGGA AGGGGAGAGG GAGGGAGAAT 120
ATGAGTAAGC AAGCAGGGTC ATATGGTTAA ACATGGAATT TTTTAAAGGA GTTATTACAA 180
GTGGGAGTCA AATAGAACTG TGGTAGAATG CTTTGGGTAC AGGAATATGT TATGCAATAA 240
AGTGAGGAAG AGAAAAAGGG AATAAGAAGG GAGGAATGTA ACTAGAGCAG CTCCCAACAG 300
TTTGCCTATG TATTTGCCAG CACCAAAATT CGTAGAGTAA GCCACTTACA TTTCCACTGC 360
TAGTATTAAG GAAAGACAGC AGTGGTGATT CTTATAAAGT GAGTATACAT TTATTCTTAT 420
TCTGATATGT GAATTTTTCT TTCACCAGTT AATTAACTGG TAATTTGTAA ACAGTGGGAA 480
GAAGATTAGA ACAATTATGG AGGTACTGAA TTACACAAGG AGATTAAAAT GAAATGAATC 540
AAACTAACCA CAAGATAGGT AGATTGATTC ATTTCATTTT AATCTCCTTG TGTAATTCAG 600
TACCTCCATA ATTGTTCTAA TCTTCTTCCC ACTGTTTACA AATTACCAGT TAATTAACTC 660
GTGAAAGAAA AATTCACATA TCAGAATAAA AATAAATGTA TACTCACTTT ATAAAAATCA 720
CCACTGCTGT CTTTCCTTAA TACTAGCAGT GGAAATGTAA GTGGCTTACT CTACAAATTT 780
TGGTGCTGGC AAATACATAG GCAAACTGTT GGGAGCTGCT CTAGTTACAT TCCTCCCTTC 840
TTATTCCCTT TTTCTCTTCC TCACTTTATT GCATAACATA TTCCTGTACC CAAAGCATTC 900
TACCACAGTT CTATTTGACT CCCACTTGTA ATAACTCCTT TAAAAAATTC CATGTTTAAC 960
CATATGACCC TGCTTGCTTA CTCATATTCT CCCTCCCTCT CCCCTTCCTT TCTCTCTCTT1020
CCAGAAGTCA TTTGCCTGGT TTGAAATATT TTGTAGGGAT TGCTTATTAT ATTATTTTAG1080
CTGATGAACC TCAGGACAAC GTCTACACAC ACACACATAC ATACACGCAC ACAAAATCTC1140
AGCTGTTGAA GAGTGGGCTT GGAATCAGAC TTCTGTGTCC AGTAAAAAAC TCCTGCACTG1200
AAGTCATTGT GACTTGAGTA GTTACAGACT GATTCCAGTG AACTTGATCT AATTTCTTTT1260

GATCTAATGA ATGTGTCTGC TTACCTTGTT TCCTTTTAAT TGATAAGCTC CAAGTAGTTG1320
CTAATTTTTT GACAACTTTA AATGAGTTTC ATTCACTTCT TTTACTTAAT GTTTTAAGTA1380
TAGTACCAAT AATTTCATTA ACCTGTTCTC AAGTGGTTTA GCTACCATTC TGCCATTTTT1440
AATTTTTATT TAATTTTATT TGCTTGAGCA CACTGATCAA CCACTGAACT GCCTTCTTCC1500
ATTGTCCTGC AATGATATAA GGGTTACATT TTTGTGTATA TGGCTTTCAT AGTTGGGATT1560
TCAGAGCACT GATACCAGAT ATTTTCAGTT TGTTCTCTGG GGGAATTTCA TTTGCATCTA1620
TGTTTTTAGC TATCTGTGAT AACTTGTTAA ATATTAAAAA GATATTTTGC TTCTATTGGA1680
ACATTTGTAT ACTCGCAACT ATATTTCTGT AAACAGCTGC AGTCAAAAAT AAAACACTGA1740
AAGTTTTCAT TTTGCAGTGG AAAAAAA 1767

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 238:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
(A) LÄNGE:2311 Basenpaare
(B) TYP: Nukleinsäure
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNAs

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 238:

CATCGCCTTC ACCGGCGGCG GCAACATCGT GGTGGCCACG GCGGACGGCA GCAGCGCGTC 60
GCCCGTGCAG TTCTACAAGG TGTGCGTGAC GTGAGTGAGC GAGAAGTGCC GTATCGACAC 120
GGAGATCCTG CCCTCCCTGT TCATGCGCTG CACCACCGAC CTCAACCGCA AGGACAAGTT 180
CCCCGCCATC ACCCACCTCA AGTTCCTGGC CCGGGACATG TCGGAGCAGG TGCTTTTGTG 240
CGCGTCCAGC CAGACCAGCA GCATCGTGGA GTGCTGGTCC CTGCGCAAGG AGGGACTCCC 300
CGTGAACAAC ATCTTCCAGC AGATCTCCCC CGTGGTTGGC GACAAACAGC CCACAATTCT 360
CAAATGGCGG ATCCTATCGG CCACCAACGA TCTGGACCGT GTGTCGGCCG TGGCGCTGCC 420
CAAGCTGCCC ATCTCGCTCA CCAACACCGA CCTCAAGGTG GCCAGCGACA CACAGTTCTA 480
CCCTGGCCTC GGGCTGGCCC TGGCCTTCCA CGACGGCAGC GTCCACATCG TGCACCGGCT 540
CTCACTGCAG ACCATGGCCG TCTTCTACAG CTCCGCGGCC CCGAGGCCTG TGGATGAGCC 600
GGCCATGAAG CGCCCCCGCA CCGCGGGCCC CGCCGTCCAC TTAAAGGCTA TGCAGCTATC 660
GTGGACGTCA CTGGCCCTGG TGGGGATTGA CAGCCACGGG AAGCTGAGCG TGCTCCGCCT 720
CTCACCTTCC ATGGGCCACC CGCTGGAGGT GGGGCTGGCG CTGCGGCACC TGCTCTTCCT 780
GCTGGAGTAC TGCATGGTGA CCGGCTACGA CTGGTGGGAC ATCCTGCTGC ACGTGCAGCC 840
CAGTATGGTA CAGAGCCTGG TGGAGAAGCT GCACGAGGAG TACACGCGCC AGACCGCTGC 900
CCTGCAGCAG GTCCTCTCCA CCCGGATCCT GGCCATGAAG GCCTCGCTCT GCAAGCTGTC 960
GCCCTGCACG GTGACCCGCG TGTGCGACTA CCACACCAAG CTCTTCCTCA TCGCCATCAG1020
CTCCACCCTG AAGTCGCTGC TGCGCCCCCA CTTTCTCAAC ACGCCTGACA AGAGCCCCGG1080

CGACCGGCTG ACCGAGATCT GCACCAAGAT CACCGACGTC GACATTGACA AGGTCATGAT1140
CAACCTCAAG ACGGAGGAAT TTGTGCTGGA CATGAACACA CTGCAGGCGC TGCAGCAGCT1200
CTTGCAGTGG GTGGGCGACT TCGTGCTGTA CCTGCTGGCC AGCCTACCCA ACCAGGGTTC1260
CCTGCTGAGG CCGGGCCACA GCTTTCTGCG GGACGGCACC TCGCTGGGCA TGCTTCGGGA1320
ATTGATGGTG GTCATCCGCA TCTGGGGCCT TCTGAAGCCC AGCTGCCTGC CCGTGTATAC1380
GGCCACCTCG GATACCCAGG ACAGCATGTC CCTGCTCTTC CGCCTGCTCA CCAAGCTCTG1440
GATCTGCTGT CGCGATGAGG GCCCAGCGAG CGAGCCGGAC GAGGCGCTGG TGGATGAATG1500
CTGCCTGCTG CCCAGCCAGC TGCTTATCCC CAGCCTGGAC TGGCTGCCAG CCAGCGACGG1560
CCTGGTTAGC CGCCTGCAGC CCAAGCAGCC CCTTCGTCTG CAGTTTGGCC GGGCGCCCAC1620
GCTGCCTGGC AGTGCTGCCA CCCTGCAGCT CGACGGCCTC GCCAGGGCCC CAGGCCAGCC1680
CAAGATCGAC CACCTGCGGA GGCTGCACCT TGGCGCTTGC CCCACGGAGG AATGCAAGGC1740
CTGCACCAGG TGCGGCTGTG TCACCATGCT CAAGTCGCCC AACAGAACCA CGGCGGTGAA1800
GCAGTGGGAG CAGCGCTGGA TCAAGAACTG CCTGTGCGGT GGGCTCTGGT GGCGGGTGCC1860
CCTCAGCTAC CCCTGAGCCC AGCTGCCCCT CAGCTACTCC TCAGCTACCC CTCAGCTGCC1920
CCTGAGCCCG GCTGCTGCAA GAGCCACCGC TCGCCCTGGA CTCTCCTCGG CGCGGTTAAC1980
CTCAGCCCGC CCTGCAGGGC TGTTGAAGGC CGTGGGCCGG ACGCCTGCGT GACCAGCAGA2040
GCTTCTGAGG AAGCCCCTGC CTTTGTCCAG CTGGGCCCGC AGTCCACACA CCACTCTCCC2100
AGGACCCCCA GATCCCTGGA CCATCTGCAT CCAGAGGACC GTCCGTGACG GCCGGGGGTC2160
CAGGCGGACC TTGTGGTGAC CCGGCTCGGG CGTCTCCTCG GTTTCCTTGC CTCACCCGCG2220
GAGAGCGCTG AACCTGGACA AGCAGCGGCT GGGAAGGACA GGTCCAATAA ACGCCCTCTG2280
CGCCCAAGAA AAAAAAAAAA AAAAAAAGGG G 2311

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 239:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
(A) LÄNGE:1772 Basenpaare
(B) TYP: Nukleinsäure
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNAs

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 239:

TGGGCGCTGT AGTCCGGCCG GAACCTGTTT GCGACCCCGA GTCCCATGAC ACCGCTTCTC 60
CTCACACCCC AGTCCGCAGT GCCCCTCCCC AGCCTCGGCC GGGCCTCCCG GGAGCCGGGC 120
GTGGCGTTCC AGCTAGTGAG CCGTTTCTCC CCTGGGCTCG GAGGCGGAAG CTTGAGGGGC 180
GCGGGGAGGA GCTTCGCGTG CGGGGTGAAC GCCCGCTCTA CGTGCTCGTT CTCTTCGCGA 240
CCGCTGCGCG CGAGCCCCGT GTCCCCACGG CGGGCAGCAG CGCCGGCGGC GGCGGCTGAA 300
CGCGGAGGGG GCGGAGGGAG CCCGCGGCGG CGGCAGCAGC TACAGCGAAA TGGCGGAGAC 360

```
CGTGGCTGAC ACCCGGCGGC TGATCACCAA GCCGCAGAAC CTGAATGACG CCTACGGACC 420
CCCCAGCAAC TTCCTCGAGA TCGATGTGAG CAACCCGCAA ACGGTGGGGG TCGGCCGGGG 480
CCGCTTCACC ACTTACGAAA TCAGGGTCAA GACAAATCTT CCTATTTTCA AGCTGAAAGA 540
ATCTACTGTT AGAAGAAGAT ACAGTGACTT TGAATGGCTG CGAAGTGAAT TAGAAAGAGA 600
GAGCAAGGTC GTAGTTCCCC CGCTCCCTGG GAAAGCGTTT TTGCGTCAGT TCCTTTTAGA 660
GGAGATGATG GAATATTTGA TGACAATTTT ATTGAGGAAA GAAAACAAGG GCTGGAGCAG 720
TTTATAAACA AGGTCGCTGG TCATCCTCTG GCACAGAACG AACGTTGTCT TCACATGTTT 780
TTACAAGATG AAATAATAGA TAAAAGCTAT ACTCCATCTA AAATAAGACA TGCCTGAAAT 840
TTGGCAAGAA GGGGCAAAAA CGTGACTATT AATGATTGAT AAGCACCAGT GAAGAAGTTC 900
TAACTTTTAG CATGCTGCAC AGAAACTGGT ATAACATGCC TTCAGTATAC TAACACTCAT 960
ATGCTCAGTT TTGTTTTGTT TTGGCAGTTG ACAAGAAGTT AATTTGCTTT AGTAAAAATC1020
CCTCATTCCA GCCTTTCTAT ATAAATAGCT CTTTCTTGCT GTTTTAATGT GGTGCACACT1080
ATAGCCTCAC AAACCTGTTA TTCCAGTGTA ATCTGCAGTG TCGTAACTAA AGTTACTGGC1140
TTGGTCTTAT TTGCACAGTT TTTGCGTCTT GTTTGCTTCT TGCATCTGAT TAACTAGAAT1200
ATTTCTCTTT CCCCCTTTTA ATTTGTGATG TCACTTGACC CCATTTATGT GTAGGAGCAC1260
TACACCATTG GTTTCCAATA CTGCACACAT AAGATACATA CTTGTGTGCA GAAAGTATCT1320
TCCTCCAGGC TTGTAATACC CTTCACATGG AAGATTAATG AGGGAAATCT TTATATTCTG1380
TATAAAAACA AAAGCAAATT TATATACTAA AATCATTTGT CTAAAAATTT AAGTTGTTTT1440
CAAATAAAAA TTAAAATGCA TTTCTGATAT GCACTGATTG TGTTGCCTCC AGCTTTTTTT1500
GCTCTCTATG AGTGACTACT TAAGTCACTT GTTGAGAGGG ATTATTTACT AATTATATAC1560
TTCTCATTCC TGTAACTCCA TTCCCTTTAA ACAGTGGTGA TATCAAATAT ACTTCCATCC1620
ATTGAATGGG GTATTTTTAA CAACAACAAA AGTGATATAC TAAAAAATGT ATTGCTTAAG1680
GCTTATTGAA TCATTTTGAA GCACTTTGTG TATTTGAAAA CTGCTTTATA ATCTCATTTA1740
TTAAAAGGAC TTTCAAAGAT AAAACCAAAA AA                              1772
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 240:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
(A) LÄNGE:2409 Basenpaare
(B) TYP: Nukleinsäure
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNAs

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 240:

```
TCTGTATCTT CCTTGCCCTC AAATACCCTG AGGTGATAAA CTGTTCCAGT TGTAGCCAAC  60
TACCACTGCG CCCGGCCTTA AATAAAATAT TGTAGTCATT AATGGTGTGT TTGAATTGAA 120
GAGATACCAG GAGATAGAGG TGAAGTGCAG TACTTTTATT CTTTAAGAAT ATAGTCTTTA 180
```

```
GCCAGGTGCA GTGGTGTGTG CCTGTAGTCT CAGCTATTTG AGAGGCTGAG GTGAGAGGAT 240
CACTTGAGTT CAGGAGTTCA AGACCAGCCT GGGCAACATA GCAAGTCCCT GGCTCAAAAA 300
AAAAAAAGTT TCCCATTCAT ATTAACTCCA TCTTTTAAAA ATGTCATGAT TACAAAGTGA 360
AAAGATTTGG CTTTCTTAGA GGCTCAATCA CAGAGGTGAA AGTGACCTTG GAAATCATAT 420
ACTCTATCCC CATGTTACAC AGATTAGAAA AACTGAGGTT ATGGCACTGA CTTAGGCACC 480
CCCCAGCAAG GCAACCCAGG GACTACAACT GGCAATCCCA ACTCCTGGGC TAGGGCTTTG 540
TCTACCTTTT TTTGCATTGG CCTCTTAAAG AGGCAATGAA TACTAATTCC TGGCATCAGA 600
AAAAAAAAAA GGCATGAGGT GGGAGGATTC TTTTTTCCCT GATGGGAAAC AGTGAATAAG 660
AAAAATCTCA TCATTCGATG GAAGAGGTGA CTTAATAATT TTATTAATGA ATTTGATGTC 720
CCATGTTTTG TAGTTTTGTT ATCATTGAAC CATTGGGGCT GGAATCTGCC TAAATAATTT 780
TATCTTGGTA GCCAGCAATT ATGTTGGTAT TTTATGTGGG CCTTCCCAGA TTTTCATATT 840
AATGAAATGA CTAATAGTCG TACTTAAGAG GTAACTCTAC TAAAGCAGAA TGAGATCTAA 900
TATGTTGTGG AAATAAAAGA GTTTGCAGTG GAATGATACT CTCACTCCGT GCTTGTAAAA 960
TTGAGTTCTA TTCAAGACGG AACTGCTATG ACTGGCCTAT TCAAGGCTTC ATATTTTTAT1020
ACAGACTATT TCACAGACCA TAGATTTATT TTAAAAGGGA AAATCTCACA CATAATTAAG1080
CAGTGGAAAA TGTGCTCAAT GCTATGGTGC GTCAGGCCCT CTGTCTACCA GGTTTCTCCC1140
GCTTTCTGCA GAGCTGTGGA CCCTGTACGT ACCAAACAGG TGAACTTGGT CCATCTTTCC1200
TTCTTCCTTT TTTTGCACAT TTGCATTTAT ATCTTCCTGT ACTAAAAGAA ACAAATTATT1260
TATAATTGGG GTGACAATAT AAAGGAACAA AAGATGGGGC AATAGTTGCT TCCTAGCTGG1320
AGCTGTAAGT CCATGTTACA GAAACTCACT ATTTAAAAAG TTTTAAAAGA TTTATGAACC1380
TTGTCCTACA ATTCGCTGAA TACTTATTTG TCTTTTAAAC TCCCCTCGGT GTATGGATCA1440
TCTTCGTCAG AATGCCGTTG TTTCATTGTG AATCAGGGGA AAATGTTAAT CATTTGGAGA1500
CTGTTTTCTT ATTACCAAAT GTACAATCCA TAAGACAACT GAAAGCAACA ACTGCTGGGT1560
TCACTGACAA AGATTATAAA AATCATCACG TTCAAAGTAG AGTTTTTAGC CAAGGTCAAG1620
AACTAACCTG GGGCTGAGTC AGCGTCTCTA CCCACTTAAA TAACAGCGTA AAGATCTTTC1680
ACTAAATTCG TTATGTGGTC TGTCTGGATG TAAACCTATA TATTTCCTTT TGAAACAGAA1740
TCATATCCTG CAGACTCTTG GCACTCCTGC ATAGCTTTGA CCGAATGTTC ACTCTCATCG1800
TAATGGAAGA TTTCTATCTA TGCAGATAAT ACATGTTTTT AAATACTGTT TTCTGTTTAG1860
TCCTCAATCT TCCTAACTCA AATTGGGGAC TGAGGAGAGA GAAAGGTGGT TACCCCTGTT1920
ACCGTGCCAT ATTCTTCTTG CTGCTTTTCA ACCCCACGTG ATTGTTGATT GACGGTTCTG1980
CTATAATGTG CGTGCCCTTC AAGTTTCAGA AAACTTTCCC AATCATTTCA CTTCAATCTT2040
AATTGAACCC AAGAGTCAAA GTTATTATTT TCTCCGAACG TGTTTGTGAT CTTCTGTTAT2100
ATTTTGGGGC ATGTTACCTT TATGGTATAT AAGCTGTAGT GCATACTCTT TGTATTGCAA2160
AAAACTGGTC AGTAATTTAT GTACATGTAT TCCACATTTT AGTGTGCTTG AAGTGACAAT2220
CCATAGTTTG TAGTAGTTTG TTATTTGTCA ACTTTACCCT GTGTTTTAAG GACATCTAAA2280
CATTCCTTGT CCTATCAAGA TGACAAAAGC AGAATGTAAT TTTTTTTTGG AAGCTTCGTG2340
ATTACCTGTA ACAAGTTCTG TTTTTAAAAC GAATACAAAT AAAGTTAGTA ACTATTTTTA2400
AATCAAAAA                                                        2409
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 241:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
(A) LÄNGE:2594 Basenpaare
(B) TYP: Nukleinsäure
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNAs

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 241:

```
CGCCCTTTTT TTCTTTATTT TCTTATGTAC TCATCTACTT ATTCTCAAAG TATTTAGCAT   60
TCAACACTCT TTTTGCTTTA AAAAGAATGG CCTTACAAAG GGACAGAAAA GAGAAGACAC  120
GAGCTTGGTG TATTTTCATC AAGTTATGTG GCAGAGAAAT CCAGATATTA CCAGGACCTG  180
TCTAAACAAA TGTTGTGGGT TTTCTTTTCA TTCGGATAGC CACTTTATAG TTGGAATATC  240
AATTCTAATG AGGAGGAAGA CATAAATATA AGTGGTAAAA AGAAACATGA CTTCCCTTAA  300
AACAGGCTGG ATAATCTATA TCAGCCTTGT GGGTGGAGAC TAGTATTTGA TCCTTGCCAT  360
ATAAAACATT TTAATATGGT TTACATGGGA AAATATCGAT GGCTTCCTCA CAAAATGTAT  420
GGGTGACGTG AAGTTGAAGA GCCAATGGCT TGGGTGACAC GTGCTGGATC CAAAAAGATC  480
AGGGAGACTA GAATAAAACT TGGATGTTAA AAATTCACCA GGAATCCACA TAAAGTACTA  540
TATTTGGGCT AAAATGAAAA ACTAAATACA AGGTGGGAGA GAGGCAAGAA TTTCAGTTGA  600
CTAAGCTCAG TGTGAGTTCA AAGTGGGATG GAACCATGCA AAAACAAAAC CCACAGACAT  660
GCAGGCTACG TGAGGAGAAA ACAGTGGTGA GGATCACATC ACATTGTGTT TGCATTTGCC  720
GGAACCATAC TTTAAGAAGA AAACCGATCA TCTATAATAA CATCAGTTTA TCAATGCCCC  780
GTCCTGATGA AGTGTGCAGA CTCTCAGAAA CAGCAGGAAG GACTTCATGA GAACCCTCAG  840
GCTGGAGAAG GGACTAGGGC ACAAGGAGAG CTCTCCTAGG ACCAGGACCA AGAAGCTACA  900
GGCAGGCACA GTTTAGCTCC TGCAGAGACC CAGCTTTTCA CAAGTTGGAG CCTTCCAGAG  960
ATAGAGGGAC TGTGGTAGGT GGTGACCCAC CCATCACTGG AGGTGGAAGC AGAGGCCGTT 1020
TGCCAGGGAT GCTGGAGAGG GGATTCAAGC ATCTGGCTGG GCAACGTGAT GCTCAGGGCC 1080
GTCTCCACTC AGGGCTTAGG GGAGTCTGTG AGTAGAAGAG CTTTAGGTGA TTTGTTTGGT 1140
GGGGGAAGGC AAGTACACAG CTATGCACTT TCCGTTTCTG ACTTTTGCCA CCCTGTCAGC 1200
CATGGGGAGC CCACTGTGGG ACTGAAACCC TGAGCTGAAT GCGGCCTCAT GTCTCAGAGA 1260
AACACTGGCA AGTTGGTCAG AGCCGCCGTC TGCATCGAGG CGTACTGAGC GGCAGGATGG 1320
GGGGCTGCCT GCCCAGGGTC TCTCACCGTG GTGTAAGCAG AGCCATGGCT TGCCTAGGAC 1380
CCTATAGATA CCATCACTCT TTCTCAGCTC GACTGGAGTT TCTGCACCTT TGCAGGGGCA 1440
AAGTAACTCC CTGCACCCTG AACCACCCCC CATTCCTGTT CATTTCAGCA GATAATGATG 1500
GAGGGGGGGG GGTGTCCATC GTGCTGAGGG TGTGACCGCA AGAGGGTGAA AACTTCCAGC 1560
CAACTTTCTC AGTCCTTTCT CTTGCGAGAG GGAAGCCACC TGCTATACAA ACTAATACCC 1620
CCTGCCTTGA CCCCTTCCCC ACGACTCAGT TGACAGAAGG ATATACTTTG TTATAACTTA 1680
TTATTTTGTT CTCTGTAAAT ACAAGATGTT TATAGGAAAT ATGTATTCTG AACTCTATCT 1740
GCAGAATGAG TCACTACACC AAAATAGTTC TATTATTTAG AATGTGTTAA TTTTAAAGGG 1800
ACCTGATAGG TATTTATTTA CATATGCGAT CCACATTTGT GTGAAAGCAT GTGATCATAC 1860
TAACCCAGCC TCCTGGAATG TCGCTGTACG ATGATTGATG TCTTTTTCTC AGTCCATAGT 1920
TACAATTGTT TAGTATGCTA ATCAGTCCAG TTCCCTGAGG TTTAAGATCA AATATAAATT 1980
ACTCTGCTTT TCGACTCATT CAGGTAGCAT TGTACCTGAA CCTGATTGCT ACTTTTTCAT 2040
CTTAAATATT ATATTTCCTC ATCTAATCTG CCTTCCCCTC ATCCACAGAC ATTTGGAGAA 2100
GGAAATGGGA GGGTGTCTGT TATCCCTTTC TCTTTGCTTT GTCCCCGTTG TTAGACTGGC 2160
AGCGTCAGTT GCTCGGTGGG CTTGGTTAGA GCCGTGGGTG AGGCAGGTGG CTGGCGGGGA 2220
CAGGGAGAGG CTGAGAGGGA AGTGGTGGCA TTTACTGCTC TGACACTTCC ACTGTCCCTG 2280
CTGGGGATGC TGGGGCCAAG GCCTGTGGGG CCTGTGAACT GCACAGCCAG GAGCAAGGAA 2340
CCCACTAAAT ACTCCGTCAC CTCCATGTCC CCTCTACAGT GTTAAATTAT TACATAAGCA 2400
GGTGAAAGGT AGAAGGCGAA TTATGTGAGT AAATATGGTC TGTTTTCTCT TCAGCAAAAA 2460
TGACTATTTT TGTGTGTGAC TAATTTATTT TTATTATTGT AAAGATACAA TAAACCGGTT 2520
GAAATATCTG CTTTGTTGAC AAGCGTGTGC TTTCTATGGC NTTATTNGCG TTCTGTTNTC 2580
CTGNAAATAG CGCC                                                    2594
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 242:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
(A) LÄNGE:1012 Basenpaare
(B) TYP: Nukleinsäure
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNAs

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 242:

```
TGAACTGGAG AGGTGAAGGT TGCAGTGGCC TGAGATCGCG AAACAGAGCG AGACTCCATC   60
TCAAAAAATA AATAAATAAT AAAATTGGCC GTTCACGGTG GCTTATGCCT GTAATCCCAG  120
CACTTTGGGT GGCCGAGGCG GGTGGATCAC CTGAGGTCAG GAATTCGAGA CCAGCCTGAC  180
CAACATGGAG AAAACCCCGT CTCTACTCAA AATACAAAAT TAACCGGGCG TGGTGGCGCA  240
TGCCTGTAGT CCCAGCTACT TGGGAGGCTG AGGCAGGAGA ATCACTTGAA CTCAGGAGGC  300
AGAGGTTGCA GTGAGCTGAG ATCATGCCAT TGCACTCCAG CCTGGGCAAC AAGAGTGAAA  360
CTCCGTCTCA AAAAAAAAAA AAAAGAGATG TTTTTCATTT TTTTCATGTT ATCTATCCAA  420
GCACTGTTCC ATGGTCAGCA AGTCATATTT CATAATGTGG ATTTTCCAAA ATAATTATTG  480
AATACAGCTA TTCTATGGCT ACTTTTAGTG TTTTTGTGGT ATGTGGTGTG GGAGTGTTTA  540
TGGAATTACC AGTATCTTAA ATTTTCAAAG GAACCTTGGA AGTCTATCAC TCTAAATGAA  600
AGTCTGTCAC TCTACATGAA TTATGTGCTC AAATTTGACC AACTCAGTTT AAGACACAAA  660
ACAGTAATTT GAAGAAGGAA AAATGAAGAG AGTTTCTAGT TTAATGGGTT AAATTTTTGT  720
TGTTGCAATA GTAAGTTTAG TCTTCTTATA ATATTTCTAA ATGAAAAATC ATAGGTATTT  780
GTTACCATGT GTGAAGATTA CTTTGTTAAA AGCAAAAGTG GTCGTGTGAT ATGCTAAATG  840
TTAATTACTG ATTTTATATG TTTAAATCAC GCCAAACAAA TTATGTCTGT GCCATCCAGG  900
GTCTGTTGTT AATCTTTTTC TGAGTACTTG GATTGGGATA AAGGGCTTGT ACTATGCACT  960
TTTTATTAAT GAATAAATAG AAAACGTTAG TAACAAAAAA AAAAAAAAAA AA         1012
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 243:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
(A) LÄNGE:1206 Basenpaare
(B) TYP: Nukleinsäure
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNAs

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 243:

```
TGAGACGGAG TCTCGCATCT GTCGCCCAGG CTGGAGTGCA GTGGCGGGAT CTCGGCTCAC   60
TGCAAGCTCC GCCTCCCGGG TTCACGCCAT TCTCCTGCCT CAGCCTCCCA AGTAGCTGGG  120
ACCACAAGCA CCCGCCACTA CGCCCGGCTA ATTTTTTGTA TTTCTAGTAG AGACGGGGTT  180
TCACCGTTTT AGCCGGGATG GTCTCGATCT CCTGACCTCG TGATCCGCCC GCCTCGGCCT  240
CCCAAAGTGC TGGGATTACA GGCGTGAGAC CGCGCCCCAC ACTATGAGTG TTTTTAACAC  300
CATTCTCCCC CACTTCTCTC CTGGGTGACA TAAGAGAGAA ATAACCNTGT AGTACAGCAG  360
CTAAAGTATT CTCCTTTCAG AGAANNTTTT TTTGGAGGTC TCTAATATAT ATTTCCCCCN  420
TTGTCTCTGT GATCTCTTAT TTATACTATA TTATTGTCCC ATGTACTTTC TAAACTGAGC  480
TTGGAACATT TAGTATTCCT GCAATTGGAC TTCCCACTTA ACAATTATAC AGACTTTGCT  540
TTTAGAAATA GATTAGGTTC CAAACAGAAA GTTCNAANGT GTAACAACNA ACAATAAAAA  600
TAGATTATGA AACANGGCTA TAATTGGCTC TTTTGGATTT NGATAGGGGC AAGATGAAAG  660
GNCAACNTTT CTTGCNTTTT GAAANNTCAT NGTTNGGGTA ANGAGGTAAG GNAATNCCAG  720
CTANCAATTT TNATTAGTGC TTGNAAANCG GGCTTNCCTT NGAATTCNTC CANGGNCCCT  780
ATCATTTTTT TTTTCTTNAC TAATNCAGAA GAGAGNCTGG GGTAGAAGNC CCCATNGTTT  840
GTATTCCNAT GAAACACNGT CGGGTTGGNA GTAAAGGCAA AAACAGCNTA GACACACCAG  900
GNTGTGTCTG NNTTTGACAT TTATAAGCTG GCACTCATCA ACACTCCTGT TTCTCCTTTC  960
TCTGGGACGT GTGGATTAAG GGGTGTGAGT TGTGGGAAGA ATTGNCCCTC GTACCTCCTG 1020
GATTTATTAT TTTTCTCAAA TACCAACCNA GTAAGATCCC AAATAACTTG AGAAAAATTG 1080
TTTCCTGATC TGTCCACTTC TGGTGTCAAA GATTTTACTC ATCTTCTTAG TACATTCTAT 1140
GTATTTTATA TGTATAATTT TNATACAATT AAAAATAGAT TTTTGTNCTA GTNGAAAAAA 1200
AAAACA                                                            1206
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 244:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
(A) LÄNGE:2514 Basenpaare
(B) TYP: Nukleinsäure
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNAs

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 244:

```
AAGGTGAAGA GCGGCATCCG GCAGATCCGG CTCTTCAGTC AGGATGAGTG CTCCAAGATC   60
GAGGCCCGCA TCGATGAGGT GGTGTCCCGC GCCGAGAAGG GCCTGTACAA CGAGCACACG  120
GTGGACCGGG CCCCCCTGCG CAACAAGTAC TTCTTCGGCG AGGGCTACAC GTACGGGGCC  180
CAGCTGCAGA AGCGCGGGCC GGGCCAGGAG CGCCTCTTAC CCGCCGGGCG ACGTCGACGA  240
GATCCCGGAC TGGGTGCATC AGCTGGTGAT CCAGAAGCTG GTGGAGCACC GCGTCATCCC  300
CGAGGGCTTC GTCAACAGCG CGGTCATCAA CGACTACCAG CCCGGCGGCT GCATCGTGTC  360
CCACGTGGAC CCCATCCACA TCTTCGAGCG CCCCATCGTG TCCGTGTCCT TCTTTAGCGA  420
CTCTGCGCTG TGCTTCGGCT GCAAGTTCCA GTTCAAGCCT ATTCGGGTGT CGGAACCAGT  480
GCTTTCCCTG CCGGTGCGCA GGGGAAGCGT GACTGTGCTC AGTGGATATG CTGCTGATGA  540
AATCACTCAC TGCATACGGC CTCAGGACAT CAAGGAGCGC CGAGCAGTCA TCATCCTCAG  600
GAAGACAAGA TTAGATGCAC CCCGGTTGGA AACAAAGTCC CTGAGCAGCT CCGTGTTACC  660
ACCCAGCTAT GCTTCAGATC GCCTGTCAGG AAACAACAGG GACCCTGCTC TGAAACCCAA  720
GCGGTCCCAC CGCAAGGCAG ACCCTGATGC TGCCCACAGG CCACGGATCC TGGAGATGGA  780
CAAGGAAGAG AACCGGCGCT CGGTGCTGCT GCCCACACAC CGGCGGAGGG GTAGCTTCAG  840
CTCTGAGAAC TACTGGCGCA AGTCATACGA GTCCTCAGAG GACTGCTCTG AGGCAGCAGG  900
CAGCCCTGCC CGAAAGGTGA AGATGCGGCG GCACTGAGTC TACCCGCCGC CCTCCTGGGA  960
ACTCTGGCTC ATCCTTACGT AGTTGCCCCT CCTTTTGTTT TGAGGGTTTT GTTTTTGTTC 1020
ATTGGGGGGT TTTTGTTTTT TGTTTTTTGT TTTTTTTGAT TCTATATATT TTTCCTTGGT 1080
TTTGTTGCCT GTTAAGGCTG AAGAATAGAA TTGGCCAGGA CCTAGGTTCT CATATTCTTG 1140
GTATTCCTCC TGGATGGAAA GGCTGTTGGC ATCAATAGGG GACAGAGGCT GATGCTGGAG 1200
TGGCCAGTAG AGGTGGTGGA GCAGAGCAGC CATCTTTTAA GTGGGGCTGT ATCAGGCTGG 1260
GTTTATTTAA AAGCAACAAA ATGTTTTGGT TAAGAAAATT ATTTTGCTTT CAGTGTAAAT 1320
CTTCGCAGTG TTCTAAACAA AGTTCAGTCT TCTGCTCGCC CCTTTCCCTC ACTGATGTCT 1380
GCACTTGGTT GAGGTCTCCT GGAGCCTCAC AGGCTCTGCT GTTCTCCACT TCTCACCTGC 1440
CATCCACGCC CTGCAAGCTC ATGCAAACAC CCTTTCTTCC TCCTGCGGCA GAGTTGTTCA 1500
GGTTGCCTGG GCAGGGGCTT AAACAGTGCC AGCCCCTGCC ATCCCAAAGC TATTGTTAAG 1560
CCCCCCAGGC GTCCTCCACC CACGCCCACT AGCCTGCCAT GTCCACAGTT CCTTGGGCTG 1620
CTGAGGGGCT AGTGCAGTGG TCCTGACCTC TCTTATCAAG AGCACACTTC TTTGCTGGTT 1680
GCTCCTTTTG AGCATATGCG TGTGATTATT TGGAACAGTT AGACTTGCCA CGTTGGGTCA 1740
GTTTTAGAAA TTGTTTCTAG CTAGAGGGAC TGGTGTCCTT CCAAGTCTAG CATTTGGGGT 1800
ATGGAAAATT GTTGTGGTGT GTGGTAGGGT TTTTGTTTTC TTTTTTGAGT TTTTTTTCCC 1860
CCTTTAGTCT CCTGGCTTTT TCCTTTCCCT TCCCTTCTCC ACTGGCCAGC TTGGGCCTCA 1920
TCCTCATGTC ATCCTTCTAG GAAGGCGCCT GCCCCATCTT GTCTGCCGGC AGCATGCATC 1980
CAAGGCCAGA GCTCAGGCCT GCAGACTGGG CTGGTGCCTC CTCCGCTTCA GGGTATGGGA 2040
GTTGGTGAAG GGGCTTTCAA AAAATAATAA GAAAAAAAAG GTAAAGTCTT TGGTAGCTTC 2100
TATCCACTCA GATCCTGGAA GGCAGCAAGG TTTTGTGGAT CTAGATTCAT TAGGAATGTC 2160
TTCTTGTCAG CCAGGCCAGG ACCCGGGCTT GCCAAGAGCA GAGGCCCTCC CAGCAACCAG 2220
GATACCACCA CTTTGGGGGC TTTGTGTACA GAGGTCCGGG TCTGAGACCT CATAGGCTGC 2280
AGAAATCTGG GGCAGCCACC ATCAAGAAGC CCCTCTCAGG GGCCAGAACT CCTTTGCCAG 2340
CGTGGATTTC TCAAGTCGGG ACTGCATAAT TAAAGCAGTT GCAGTTTTAT TTTTTTTACA 2400
GCTTTTTTCC CAAAAATGAT TTGTAGTTGT GTGTGCAGCA CTTCGCCCTG ATATGTGTGC 2460
TCTACAATAA AAACCAAATC TAATATATTT TGAAAAAAAA AAAAAAAAAA AAAA      2514
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 245:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE:3903 Basenpaare
(B) TYP: Nukleinsäure
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNAs

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 245:

```
GCAGTTGGAT CCCTGGCGGG TGCGGCCCGG CCCGGCCCGT GAGCGGCGCA CAGAATGGGC   60
CGATGCTGCT TCTACACGGC GGGGACGTTG TCCCTGCTCC TGCTGGTGAC CAGCGTCACG  120
CTGCTGGTGG CCCGGGTCTT CCAGAAGGCT GTAGACCAGA GTATCGAGAA GAAAATTGTG  180
TTAAGGAATG GTACTGAGGC ATTTGACTCC TGGGAGAAGC CCCCTCTGCC TGTGTATACT  240
CAGTTCTATT TCTTCAATGT CACCAATCCA GAGGAGATCC TCAGAGGGGA GACCCCTCGG  300
GTGGAAGAAG TGGGGCCATA CACCTACAGG GAACTCAGAA ACAAAGCAAA TATTCAATTT  360
GGAGATAATG GAACAACAAT ATCTGCTGTT AGCAACAAGG CCTATGTTTT TGAACGAGAC  420
CAATCTGTTG GAGACCCTAA AATTGACTTA ATTAGAACAT TAAATATTCC TGTATTGACT  480
GTCATAGAGT GGTCCCAGGT GCACTTCCTC AGGGAGATCA TCGAGGCCAT GTTGAAAGCC  540
TATCAGCAGA AGCTCTTTGT GACTCACACA GTTGACGAAT TGCTCTGGGG CTACAAAGAT  600
GAAATCTTGT CCCTTATCCA TGTTTTCAGG CCCGATATCT CTCCCTATTT TGGCCTATTC  660
TATGAGAAAA ATGGGACTAA TGATGGAGAC TATGTTTTTC TAACTGGAGA AGACAGTTAC  720
CTTAACTTTA CAAAAATTGT GGAATGGAAT GGGAAAACGT CACTTGACTG GTGGATAACA  780
GACAAGTGCA ATATGATTAA TGGAACAGAT GGAGATTCTT TTCACCCACT AATAACCAAA  840
GATGAGGTCC TTTATGTCTT CCCATCTGAC TTTTGCAGGT CAGTGTATAT TACTTTCAGT  900
GACTATGAGA GTGTACAGGG ACTGCCTGCC TTTCGGTATA AAGTTCCTGC AGAAATATTA  960
GCCAATACGT CAGACAATGC CGGCTTCTGT ATACCTGAGG GAAACTGCCT GGGCTCAGGA 1020
GTTCTGAATG TCAGCATCTG CAAGAATGGT GCACCCATCA TTATGTCTTT CCCACACTTT 1080
TACCAAGCAG ATGAGAGGTT TGTTTCTGCC ATAGAAGGCA TGCACCCAAA TCAGGAAGAC 1140
CATGAGACAT TTGTGGACAT TAATCCTTTG ACTGGAATAA TCCTAAAAGC AGCCAAGAGG 1200
TTCCAAATCA ACATTTATGT CAAAAAATTA GATGACTTTG TTGAAACGGG AGACATTAGA 1260
ACCATGGTTT TCCCAGTGAT GTACCTCAAT GAGAGTGTTC ACATTGATAA AGAGACGGCG 1320
AGTCGACTGA AGTCTATGAT TAACACTACT TTGATCATCA CCAACATACC CTACATCATC 1380
ATGGCGCTGG GTGTGTTCTT TGGTTTGGTT TTTACCTGGC TTGCATGCAA AGGACAGGGA 1440
TCCATGGATG AGGGAACAGC GGATGAAAGA GCACCCCTCA TTCGAACCTA AACATTGCCT 1500
TTGCTTGGTG AAGAAACTGT GTGAGCTGTC CTGACCTGGA CGATGACGTG GGGAAACCCT 1560
CCACCTCCTT GCAGGCTTGT TGCCTGTTGA AAGAAGGAAA AAGACACGGC GCTGGCAAGT 1620
GATAGGAACA TTCTGGCCAG AGGTTAAAGA GCAGGCTGAC ATGGCTGGCC ATTAAGCTTT 1680
ATAAAATCAT GTGGGCTCTG AAATTGTTCT TTTATGTGTC TAGCAAGTAT TTAATAAACC 1740
CTTGTATAGT AAAAAAAAAG TTGTTGGGTG CTGGTAGCTC CAGAATTTTG TGACCACTAT 1800
TGTGGGTAAA ATGTCTCTGC ATCACTTGTT AATGCTACTG GTCTAACTTC ATTCAGTATG 1860
CTTCATTCAC CGAACTTTGT GCTCAAAATG CGTATATACC ATTTTATGTT GTATTCCTCC 1920
```

```
ATTTCACTTG CAAAACAGAA GTAAATAAGA GTTCGGGACC CAGGGTAAAA TGGTAGCTTC1980
ATCCAATATA TCATTCAAAT GCATCTGATT TCTAAAACAT ATTACATTTT ATGCTGATCT2040
TCAGTTCATA ATTCTTCCAG GAAAACTCAG TCTTCCAACT GCAATAAAAT ACTGGGTAGA2100
ATCAAATGGG AAAGGGGTTG GGTGGGGCAA TACCCATGAG TTGATAGTGA TAAGCTCCTA2160
AGGATTTTTA ACTTGTACTT TTGTGAACGA AGAGAATGCA TAAATAATGT TGGTGAGGAT2220
AAAGTACAGA TATTTCATGT AGAATTAATT GCTAGTTATG ATGCTTGTGG ATAGTTAACT2280
GTTTTTTTTT TAGTCAAAAT GATCATGCTA CGAAAAGATG CTTCTGAGAG AATGTAATGA2340
GTAACTGATT TTTCTTCCTG AGTCGCCCTT GCCAAATATG TTACTGTATT AATTAATCTA2400
ATATTGAGTG ATTATTTGTA AAATTATGAA TATGGGAAAT CCATCTATCT ACAGCCTAAG2460
TTACACATAA GTTTCAGAAA GTCTGATTAG ACTAAAGAGA TATTTCTTCT GGGACAGCCT2520
TCTTCTTGGT AATTTTGAAG TTCTTTTTAC AAGTTCCTTC CTCAGTTTCA GTTCTTTCCA2580
GTGTTTTGTA GCTCACTGTC ACTCACTGAA TAGAGAAACG TGTGCCCTAT ACTTCCTGTG2640
ACAATCATTT TGCTGACAGA ATGATGGATG TTTAAAATAT TGCACAAAGT ACTTTAAAGA2700
AAGGTCTGTT AGGACCAGAA GCAGAGACAC CACTTTTCAA AGGACTTCTT GGTTTCAGCA2760
TAACCTAAGA CAGGGAATTG GGAGCCATCA TATGTCACAG TGTTCAGAAT TCAAGCATAT2820
TTAAGGGCAT TTTCTTTGAT TCTCAAAGTT CAGCATTCAT TTTGAATTGA GAAGCCTATA2880
CATTTAGCTG ACAAAGTGCT TATAGAATTT CTTAACAACT GAACCATTCA AAAGGATTTT2940
TTTTGTTTAA AACTGGATTT CAATGTAAGC AAATGAAGAA AAAATATAGA TTTCATTTCC3000
ATAGCTTCTT ATCCCTGTAT TGAGGTAATA AATTGTTTTA CTGACAATTT TTCCTTTTTC3060
TACACTAAAA CAATATGTGA TATATTTCCC CTCTTGAAGA GGCAATTCAT TAAACTCTCA3120
AATTTTCTAT AGAATCAAGA TAGAACCTTT AGATACTCCA ACTCACCAAA ATGTAAAAAA3180
ACTAACAAAA ATATTTGGTC TTCAATAATG CTAAATATCT ACATTTTTAG AATTTATCAA3240
CATTTAACTA GATAATTGGG CATGTCTTAA TTATGCATGT ACTTATCCAT ACTAATAAAA3300
TTGACAATGC TAGTGCATAC TTATTGGTTT AGTCCTATTA TCAGGATATA ATCATCTGTG3360
AGGAGGATAT TTTAAATACT GTAAATGATA ACAGTTAATG ATATACACAT TTAGACTGAG3420
TTGCACACTG GCAGGGAGAC CAAAAACATT ACTTCCATAC TTGTGTCATG ATTCTTTTTT3480
TTTTGAGAGA GTCTCACTCT GTCGCCAGGC TGGGAGTACA GTGGCATGAT CTCGGCTCAC3540
TGCAACCTCT GCCACCCCAG GTCCAAGTGA TTCTTCTGCC TCAGTCTCCC GAGTAGCTGG3600
GACTACAGGC ACCCACGAGC ATGCCTGGCT AATTTATGTA TTTTTAGTAG AGACGGGGTT3660
TCACCATGTT GGCCAAGCTG GTCTCAAACT CCTGACCTCA AGTGATCCAC CCACCTCAGC3720
CTGTCGAAGT GCTGGGATTA CAGGTGTGAG CCACTGCGCC CACCTTCTAT TTTCATCTTC3780
TTTTTAAGGA ATTAATTATT TGAATATGGC AAACATCCAC ATGGGGCCTA AAGTCAAATA3840
ATGTAAAGCG ATACATTAAA AGGGCTTTAC TTCCCACCTC TTTAGGTCTT AATTCAGTCA3900
GTT                                                              3903
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 246:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
(A) LÄNGE:1730 Basenpaare
(B) TYP: Nukleinsäure
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNAs

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 246:

GCATTTCTGC CATCGCCCAC CGTGGCGGCA CAAGCGGCAG CCCGAGAACA CGCTGGCGGC 60
CATTCGGCAG CTAAGAATGG AGCAACAGGC GTGGAGTTGG ACATTGAGTT TACTTCGGAC 120
GGGATTCCTG TCTTAATGCA CGATAACACA GTAGATAGGA CGACTGATGG GACTGGGCGA 180
TTGTGTGATT TGACATTTGA ACAAATTAGG AAGCTGAATC CTGCAGCAAA CCACAGACTC 240
AGGAATGATT TCCCTGATGA AAAGATCCCT ACCCTAAGGG AAGCTGTTGC AGAGTGCCTA 300
AACCATAACC TCACAATCTT CTTTGATGTC AAAGGCCATG CACACAAGGC TACTGAGGCT 360
CTAAAGAAAA TGTATATGGA ATTTCCTCAA CTGTATAATA ATAGTGTGGT CTGTTCTTTC 420
TTGCCAGAAG TTATCTACAA GATGAGACAA ACAGATCGGG ATGTAATAAC AGCATTAACT 480
CACAGACCTT GGAGCCTAAG CCATACAGGA GATGGGAAAC CACGCTATGA TACTTTCTGG 540
AAACATTTTA TATTTGTTAT GATGGACATT TTGCTCGATT GGAGCATGCA TAATATCTTG 600
TGGTACCTGT GTGGAATTTC AGCTTTCCTC ATGCAAAAGG ATTTTGTATC CCCGGCCTAC 660
TTGAAGAAGT GGTCAGCTAA AGGAATCCAG GTTGTTGGTT GGACTGTTAA TACCTTTGAT 720
GAAAAGAGTT ACTACGAATC CCATCTTGGT TCCAGCTATA TCACTGACAG CATGGTAGAA 780
GACTGCGAAC CTCACTTCTA GACTTTCACG GTGGGACGAA ACGGGTTCAG AAACTGCCAG 840
GGGCCTCATA CAGGGATATC AAAATACCCT TTGTGCTAGC CCAGGCCCTG GGGAATCAGG 900
TGACTCACAC AAATGCAATA GTTGGTCACT GCATTTTTAC CTGAACCAAA GCTAAACCCG 960
GTGTTGCCAC CATGCACCAT GGCATGCCAG AGTTCAACAC TGTTGCTCTT GAAAATCTGG1020
GTCTGAAAAA ACGCACAAGA GCCCCTGCCC TGCCCTAGCT GAGGCACACA GGGAGACCCA1080
GTGAGGATAA GCACAGATTG AATTGTACAA TTTGCAGATG CAGATGTAAA TGCATGGGAC1140
ATGCATGATA ACTCAGAGTT GACATTTTAA AACTTGCCAC ACTTATTTCA AATATTTGTA1200
CTCAGCTATG TTAACATGTA CTGTAGACAT CAAACTTGTG GCCATACTAA TAAAATTATT1260
AAAAGGAGCA CTAAAGGAAA ACTGTGTGCC AAGCATCATA TCCTAAGGCA TACGGAATTT1320
GGGGAAGCCA CCATGCAATC CAGTGAGGCT TCAGTGTACA GCAACCAAAA TGGTAGGGAG1380
GTCTTGAAGC CAATGAGGGA TTTATAGCAT CTTGAATAGA GAGCTGCAAA CCACCAGGGG1440
GCAGAGTTGC ACTTTTCCAG GCTTTTTAGG AAGCTCTGCA ACAGATGTGA TCTGATCATA1500
GGCAATTAGA ACTGGAAGAA ACTTCCAAAA AGATCTAGGG GTATGCTCAT GGTGCAAAGT1560
GGGGGAACTA AACTCTTAGG GGAGAAGAGG GGGTGACCCG CAAAAGAGAC GAGATTAGAG1620
GGAACGAGAG GGGGAAGCCG GAGAGTCCAG GAAATAAGGA GGTGAAGAAA GAAGGTTGTT1680
TAAGGCGAGC TGGGGAAGTT GGAAGCCCGA AACTTGAAAG GAGGATAAAA 1730

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 247:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
(A) LÄNGE:3439 Basenpaare
(B) TYP: Nukleinsäure
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNAs

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 247:

CAGATTTTGC CGGCTTTTAT CCTTTTATTT AACGGATTGA AAAGAGCATA TGCCTGCCAT 60
GCAGAACATG AAACCGAGGA ACTGGGGAGT GATGAAGATG ATATTGATGA AGATGGGCAA 120
GAATATTTGG AGATTCTGGC TAAGCAGGCT GGTGAAGATG GAGATGATGA AGATTGGGAA 180
GAAGATGATG CTGAAGAGAC TGCTCTGGAA GGCTATTCCA CAATCATTGA TGATGAAGAT 240
AACCCTGTTG ATGAGTATCA GATATTTAAA GCTATCTTTC AAACTATTCA AAATCGTAAT 300
CCTGTGTGGT ATCAGGCACT GACTCACGGT CTTAATGAAG AACAAAGAAA ACAGTTACAG 360
GACATAGCAA CTCTGGCTGA TCAAAGAAGA GCAGCCCATG AATCCAAAAT GATTGAGAAG 420
CATGGAGGAT ACAAATTCAG TGCTCCAGTT GTGCCAAGTT CTTTCAATTT TGGAGGCCCA 480
GCACCAGGGA TGAATTGAGT TATCTCTTTC TTTCCTGCTG TGTGCTTGTA GTGAAGAGCT 540
TGTGTTCCTC CTAGTAGTGG TTCCAGAACT GGTTCATGTT ATCTATTCTA AACTAATAAT 600
CAATAGATGG ACAAAAGAAA CAACAACCCC AGGAGATGGG ACCTGATCAT GCAACCTGGC 660
ACTGGAAAAG AAATCAGCGG GATTTTGGGG GTGGGGGGGA TGGGAGGTAC CTTAGAGGGA 720
GTATTTTCTT TATTTTTTGA AGAAAGTAAG ATCCTGACTC TGAAGCTTCA AAGTGACACT 780
GTGGAAATCT GAAACGAGGG GATGTCATGA AGGCAGCTTT TCTTTTTCTG AGGAAAAAAT 840
AGGCATGGGC TACAGGACTA TTTAAAATGT CTCATTTACA GTATAAAACT CAAAGGTAGA 900
TGTAATTTTT ACACCTATGA GTATTTGTCC AATTTCTGTC TCTTCCTCAC CATTGGGTAT 960
CTATTCTTTA TATGTAAATA AGATAAGGTC ATCTGATAGC CTTATTCAGT CTTCATCATT1020
TTCATCATTG TTCCTATGTA GATTATTGGA CATTTATTGT AGCACTACAT AACTGATTAT1080
AAAAATCTGT AAATGAATTA GCACTTTCAT ATTGAAACAA GCCTGCTAGC CTATGTATAA1140
AATAGCAAAA TGTTTGCTGT TTATAAAAAG ATGTAATGGG GTGGGGGGCA GGGGTAATTT1200
CAAGTTATTA ATTTAAAAAT GAACTAGCAA TTTTGTACCT GGTGACTTTG TGGTGCACTC1260
ACCTCTGATA GTGACTTGAA TTCGGTATGT AAAAAGGGGT TAGTGGTATT TCATTGCTGC1320
TAAAAATGAC AACTCCCTCT GTGTCCTGTT TTTCTTAAAG CTGTCAGTGT ACAAGTGGGT1380
ATTTGAATAC CAGACCTTAC TGTAAAAAAT AAAAAAGGTG GTATCTAGAG CATGTAAATT1440
GGATATAAAG TTCTGCTCTT AAAGAGTTGA TCTAAGAGTA TGGCTAAACA TCTATATATG1500
CAATCTATTA AAAGAACTTA ATTCGGCTAT TATGTCTTGA TTTGATTGCA GTTTTTTCCT1560
AATTATAACA AATTTTTCCT CATTGGCCTG TTTTTAATCC TGTGCCTAGA AGGAGTACAA1620
AATGCACACT TTACAAAATT GATATTTAAC ACTTACCCAC TCCCCTTTCC CCATCTCTTC1680
TACCGCTCTT GTTGATCGTG GTATCTGATC TTGACTAGAT AGGCTGAAGG CACATGGTTC1740
CCTCCAAAAA CCACTATTGA TACCACTACA AAAACAAGCC AGCAAAAAGA TACTGTAGAG1800
AGGTTGGCTT GCTTCCCTCT CTTCCTAACT GCATGTTGAA AAATAAGCCG TTATTGATCT1860
TAAACATCGG TCAGATGAGT CATACATTGG GTTATTTTTT ATATACATGT ATACACAAAA1920
TATTTCAAAT TGAAAGCAAC ATCTTAATGG ATTCAAAACT ATTACAAGCT GTTGTCTAAA1980
ACAGGTGAGA AAAAAATTTA TAACTGTAAA AACAAATGCA CATATTGATA TTTAAAATGC2040
GTAATTAAGA AAACCCATTG TTGTTGTGTT TTTCTTGTAT ACCAATAATT AAGCCACTAC2100
TGTTGGCACT GTTTGGTTTT CTATTTTAAC ACTGAAGGAG TGAAAGTATT TCCTATATTT2160
ATGAATTTAC TACTAAAATC TTGGCAAAAA AAGAAAAAAA TTGTCTAACG TGTGTGGGTG2220
AAAACTGTTA ATCAAGTGTT TCTACTCCCC CCCGAAAATC CCCTGAAAGT TGGACACCAA2280
CTGTATACCC TAGGTTGCTT AAAGGGATTT CACTATTATA TAAAGTCAAT AAAAATGAAG2340
TAGTTGTATA TATGCAACAT TGTGTACAGA GGGGAAATAA TGAATAGTAT TAAAGAAACA2400
TTCTCGTCTT CCTTTACCTT TAATCCCCTA ATACCTAGTC TACTTTTTAA ATTTTCAGAC2460
TTCACTGCTT TTTGAATTCA TAATTCTAAT TTTCACATTA TTGTTAATGG AAAATCATAT2520
CTAATAAAGG TTTTAGTTAT TCCCATGCAC AGTATGAAAA TTCTCATTTG CTGAGGTTTT2580
GTTTCAAGAA AATGTATTGG CATGTCTTTG AGAACATGTT TTATTGTCTC CTGTGTCATA2640
TAATCCAAAC TAATCTCCGT TTACAGACTT TAACTTGAAA TTAGACCTTA TAATTAAACT2700
ATTTAAATAG TGTTCAAATG ATAGTTTCTA ATGCATCAAA TATATACCTC AGTTTTCATG2760
ATTTCCTTTA ACATTATAAT TTGGTATAGA TCAAGAATCT TAACATGTAT CAGTTTCTAG2820
ATGAGGCTGC AGGATTTTTG GAAAACTTTT TGAATGTATT TACAATATTC TCTTGTAATT2880
AGCTACATAG GGACTTGTCT TTTTTTCTTT TTACATACAG CTTTTCCTAC AGTTTTATTA2940
CCCTGTAATT TTTTTTTAGT TGTAGAAGTT AATTCTGATT TTGTGTGGAT TTCAGTATTT3000

```
GTCTTTGTTA ATGGCACATA TTAGCATAAA TCACTTTTGT AAATGTAAGC TTTCTTTTTT3060
TTTCTTGAAA AAGCCTTTCT ATTTATCAGT ATTAAATAAA GGAAGTTAAT CTGTTTCTCT3120
GCAGGTAATA AAATAGTGAC ACACTGTATT AAGATAGTGA CTGCTATACT CAACTCTGGA3180
AGAGACTAGA GTATAGAGCA TGAGTGGCAA AACCACAGCC CTTGGGCCAT ATGCTGCTAT3240
TCAGTCCCAG ATGTAGCCCC TGAAGCAAGC ATAAAGAAAA ATGAATTAAA AATTAAATTA3300
ATATGGAAAG TTAAAAAATG GATTACATTA GTATGACTAA ACCATGTCTT TGGCAAAGAT3360
CTAACACAAT GTCTTAAGTA TAATAGGTAG TCTCTGTTTG TAAAATAAAT GACTTAAATT3420
TAAAACATCA AAAAAAAAA                                              3439
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 248:

(A) LÄNGE: 378 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 248:

```
SCSSPSCHRG HERFRIASAC LDELSCEFLL AGAGGAGAGA APGPHLPPRG SVPGDPVRIH   60
CNITESYPAV PPIWSVESDD PNLAAVLERL VDIKKGNTLL LQHLKRIISD LCKLYNLPQH  120
PDVEMLDQPL PAEQCTQEDV SSEDEDEEMP EDTEDLDHYE MKEEEPAEGK KSEDDGIGKE  180
NLAILEKIKK NQRQDYLNGA VSGSVQATDR LMKELRDIYR SQSFKGGNYA VELVNDSLYD  240
WNVKLLKVDQ DSALHNDLQI LKEKEGADFI LLNFSFKDNF PFDPPFVRVV SPVLSGGYVL  300
GGGAICMELL TKQGWSSAYS IESVIMQISA TLVKGKARVQ FGANKSQYSL TRAQQSYKSL  360
VQIHEKNGWY TPPKEDG*                                               378
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 249:

(A) LÄNGE: 281 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 249:

```
AVGSAALFKD GGGGTSAAEA GAAGQRLRSV NCLAYDEAIM AQQDRIQQEI AVQNPLVSER   60
LELSVLYKEY AEDDNIYQQK IKDLHKKYSY IRKTRPDGNC FYRAFGFSHL EALLDDSKEL  120
QRFKAVSAKS KEDLVSQGFT EFTIEDFHNT FMDLIEQVEK QTSVADLLAS FNDQSTSDYL  180
VVYLRLLTSG YLQRESKFFE HFIEGGRTVK EFCQQEVEPM CKESDHIHII ALAQALSVSI  240
QVEYMDRGEG GTTNPHIFPE GSEPKVYLLY RPGHYDILYK *                      281
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 250:

(A) LÄNGE: 245 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 250:

```
DHLQPQKNLC TCLAPGRGGQ QGSSGLEPAL FVEDIVVSRP VEKVDLGLGA LREDVRIGGA   60
ALAAVHVLHL DGHAEGLGQR NDVDVVALLA HGLHLLLAEL LDSPSTLDEV LEELALALQV  120
ARGEQPQVDH KVVGGALVIE GGQQVGDRGL LLHLLNQVHE RVVEILNCEF SEALGHQVFL  180
ALGRHSLEPL QLLAVIQQCL QVGESESPIE TVAVRPGLAD VRVLFVEVLD LLLIDVVIFS  240
ILLV*                                                              245
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 251:

(A) LÄNGE: 294 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 251:

```
MLAARLVCLR TLPSRVFHPA FTKASPVVKN SITKNQWLLT PSREYATKTR IGIRRGRTGQ   60
```

```
ELKEAALEPS MEKIFKIDQM GRWFVAGGAA VGLGALCYYG LGLSNEIGAI EKAVIWPQYV  120
KDRIHSTYMY LAGSIGLTAL SAIAISRTPV LMNFMMRGSW VTIGVTFAAM VGAGMLVRSI  180
PYDQSPGPKH LAWLLHSGVM GAVVAPLTIL GGPLLIRAAW YTAGIVGGLS TVAMCAPSEK  240
FLNMGAPLGV GLGLVFVSSL GSMFLPPTTR GWCHSLLSGN VRWISSFQHV PSV*        294
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 252:

(A) LÄNGE: 564 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 252:

```
MERELNHEKE RCDQLQAEQK GLTEVTQSLK MENEEFKKRF SDATSKAHQL EEDIVSVTHK   60
AIEKETELDS LKDKLKKAQH EREQLECQLK TEKDEKELYK VHLKNTEIEN TKLMSEVQTL  120
KNLDGNKESV ITHFKEEIGR LQLCLAEKEN LQRTFLLTTS SKEDTCFLKE QLRKAEEQVQ  180
ATRQEVVFLA KELSDAVNVR DRTMADLHTA RLENEKVKKQ LADAVAELKL NAMKKDQDKT  240
DTLEHELRRE VEDLKLRLQM AADHYKEKFK ECQRLQKQIN KLSDQSANNN NVFTKKTGNQ  300
QKVNDASVNT DPATSASTVD VKPSPSAAEA DFDIVTKGQV CEMTKEIADK TEKYNKCKQL  360
LQDEKAKCNK YADELAKMEL KWKEQVKIAE NVKLELAEVQ DNYKELKRSL ENPAERKMED  420
GADGAFYPDE IQRPPVRVPS WGLEDNVVCS QPARNFSRPD GLEDSEDSKE DENVPTAPDP  480
PSQHLRGHGT GFCFDSSFDV HKKCPLCELM FPPNYDQSKF EEHVESHWKV CPMCSEQFPP  540
DYDQQVFERH VQTHFDQNVL NFD*                                          564
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 253:

(A) LÄNGE: 250 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 253:

```
WTGTGRGAVA IMADPDPRYP RSSIEDDFNY GSSVASATVH IRMAFLRKVY SILSLQVLLT   60
TVTSTVFLYF ESVRTFVHES PALILLFALG SLGLIFALTL NRHKYPLNLY LLFGFTLLEA  120
LTVAVVVTFY DVYIILQAFI LTTTVFFGLT VYTLQSKKDF SKFGAGLFAL LWILCLSGFL  180
KFFFYSEIME LVLAAAGALL FCGFIIYDTH SLMHKLSPEE YVLAAISLYL DIINLFLHLL  240
RFLEAVNKK*                                                         250
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 254:

(A) LÄNGE: 152 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 254:

```
RKKGETEREL SASTQTLSHL QGHLPSWPRP APTVTSASRR FIIKKNQKQS QNQNKIQKEK   60
TWGNGMRKRG GEEGRRAGLW MHNSRARGLG RKIPQRPAAC VALARHVVFG GRLPIHPVEI  120
LVAGLLGGVK PVSDRQAGKG LGDGGCGRER V*                                152
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 255:

(A) LÄNGE: 151 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 255:

```
RHAGGGALGN LPPQPPGSGV MHPETCPSTF LASPLPHSIA PGLFLLDFVL VLALFLIFFY   60
YESPGRRGDS GSWPGPGRQV ALEMGKCLCR GAELSLCFSF FPLLLPLHTP VAGRNLGFPE  120
SLGVPPFLPH PGGTPRAPGL FLLLFSFWAV *                                  151
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 256:

(A) LÄNGE: 276 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH
:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 256:

```
GRPGQSPAGA EEPGPRDSSA VITQISKEEA RGPLRGKGDQ KSAASQKPRS RGILHSLFCC   60
VCRDDGEALP AHSGAPLLVE ENGAIPKTPV QYLLPEAKAQ DSDKICVVID LDETLVHSSF  120
KPVNNADFII PVEIDGVVHQ VYVLKRPHVD EFLQRMGELF ECVLFTASLA KYADPVADLL  180
DKWGAFRARL FRESCVFHRG NYVKDLSRLG RDLRRVLILD NSPASYVFHP DNAVPVASWF  240
DNMSDTELHD LLPFFEQLSR VDDVYSVLRQ PRPGS*                            276
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 257:

(A) LÄNGE: 139 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH
:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 257:

```
MFYLAAAVSD FYVPVSEMPE HKIQSSGGPL QITMKMVPKL LSPLVKDWAP KAFIISFKLE   60
TDPAIVINRA RKALEIYQHQ VVVANILESR QSFVFIVTKD SETKLLLSEE EIEKGVEIEE  120
KIVDNLQSRH TAFIGDRN*                                               139
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 258:

(A) LÄNGE: 238 Aminosäuren
(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH
:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 258:

```
PYRQGCPGAA GQAPGAPPGS YYPGLPSGTP GGPYGGAAPG GPYGQPPPSS YGAQQPGLYG   60
QGGAPPNVDP EAYSWFQSVD SDHSGYISMK ELKQALVNCN WSSFNDETCL MMINMFDKTK  120
SGRIDVYGFS ALWKFIQQWK NLFQQYDRDR SGSISYTELQ QALSQMGYNL SPQFTQLLVS  180
RYCPRSANPA MQLDRFIQVC TQLQVLTEAF REKDTAVQGN IRLSFEDFVT MTASRML*    238
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 259:

(A) LÄNGE: 111 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH
:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 259:

```
TNICLLSGAS PKVTNGWAQI NFSFASHRVA HCGKPELVRT PVCVFLIHTN HNKQVCTHLY   60
EPHAKTRHSQ RSVTRVQQRN SRFDQNRPCC LLNCQLPLKN LQKKGHYKNS *           111
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 260:

(A) LÄNGE: 84 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH
:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 260:

```
FVKILKFGPL RIILNEIYRL TCENIFHRLS LGLFIRKLFV CPPVGTFGYL ILPFQIVKAH   60
RGVFWNHLLS HFLKSYSIVS VNI*                                          84
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 261:

(A) LÄNGE: 197 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH
:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 261:

```
PQTTQCVRRA GLWVNSHIHT QGRGKHTQVQ SSQWCRPDLL SRGCYGCPSA SPEQPGQPAP   60
PPRLXQEGEL CPGEETDRLG DKTPIAGTCT AAATAPRTGH GDGTGREPHC PLSVCLWFCP  120
GPAHLEPRQT GGIEQGPGPD SPLARCDWKR LMPGQHQAFC KSQSQCAESA STACAVAPQD  180
EVTSRTGGFM QTHRHC*                                                 197
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 262:

(A) LÄNGE: 191 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH
:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 262:

```
DQLGSGGHFS LHRLPEQTEE SSLIVAEPSL SPSAVSVCLH KPSCPGRDFI LRSHSTGRAG   60
TFCTLALGLA EGLVLPWHQP LPVTSGQRAV WTWALLNATC LPGLQVGRTR TEPQAHTEGA  120
VWLPACPIPM PRPRGCGCCC ACPCDGSLVS QPVSFLPRAE LPFLXESGRR CRLSWLLWGS  180
RGTAITPPGQ *                                                       191
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 263:

(A) LÄNGE: 245 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 263:

```
EKMEAFGEGA GWEDFFSTQT LTFQSILQMK NADYFSNYVT EDFTTYINRK RKNNCHGNHI   60
EMQAMAEMYN RPVEVYQYST EPINTFHGIH QNEDEPIRVS YHRNIHYNSV VNPNKATIGV  120
GLGLPSFKPG FAEQSLMKNA IKTSEESWIE QQMLEDKKRA TDWEATNEAI EEQVARESYL  180
QWLRDQEKQA RQVRGPSQPR KASATCSSAT AAASSGLEEW TSRSPRQGVQ PRHLSTLSCM  240
LNWA*                                                              245
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 264:

(A) LÄNGE: 221 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 264:

```
GFRPARCDPV PLPTTRSVAG LPVGRVRQLS RPLLGPDTGS VANIFKGLVI LPEMSLVIRN   60
LQRVIPIRRA PLRSKIEIVR RILGVQKFDL GIICVDNKNI QHINRIYRDR NVPTDVLSFP  120
```

FHEHLKAGEF PQPDFPDDYN LGDIFLGVEY IFHQCKENED YNDVLTVTAT HGLCHLLGFT 180
HGTEAEWQQM FQKEKAVLDE LGRRTGTRLQ ALTRGLFGGS * 221

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 265:

(A) LÄNGE: 109 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 265:

FFFLRSFVIY LCATPAPRSL HPSRVPLSEG TRPSAPSEEA PGQGLQPGPR ASAQLVQHRL 60
LLLEHLLPLC LRAVCESQQV TESVGGRHSQ DVIVIFIFFT LMEDILHS* 109

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 266:

(A) LÄNGE: 372 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 266:

MSFRKVNIII LVLAVALFLL VLHHNFLSLS SLLRNEVTDS GIVGPQPIDF VPNALRHAVD 60
GRQEEIPVVI AASEDRLGGA IAAINSIQHN TRSNVIFYIV TLNNTADHLR SWLNSDSLKS 120
IRYKIVNFDP KLLEGKVKED PDQGESMKPL TFARFYLPIL VPSAKKAIYM DDDVIVQGDI 180
LALYNTALKP GHAAAFSEDC DSASTKVVIR GAGNQYNYIG YLDYKKERIR KLSMKASTCS 240
FNPGVFVANL TEWKRQNITN QLEKWMKLNV EEGLYSRTLA GSITTPPLLI VFYQQHSTID 300
PMWNVRHLGS SAGKRYSPQF VKAAKLLHWN GHLKPWGRTA SYTDVWEKWY IPDPTGKFNL 360
IRRYTEISNI K* 372

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 267:

(A) LÄNGE: 73 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 267:

```
MCLLSQQSPA ASSLEGAIWR RAGTQTRALD AILYHPQQSH LVGSTALGLT LPLLYPREPE  60
AQGWKDPVAG GG*                                                     73
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 268:

(A) LÄNGE: 137 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 268:

```
VPPCPQLREL CPGVNNQPYL CESGHCCGET GCCTYYYELW WFWLLWTVLI LFSCCCAFRH   60
RRAKLRLQQQ QRQVEINLLA YHGACHGAGP FPTGSLLDLR FLSTFKPPAY EDVVHRPGTT  120
SPPLYCGPKA PLEVVSS                                                 137
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 269:

(A) LÄNGE: 309 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 269:

```
KHATEQEKTE EGLGPNVKGI VTMLMLMLLM MFAVHCTWVT SNAYSSPSVV LASYNHDGTR   60
NILDDFREAY FWLRQNTDEH ARVMSWWDYG YQIAGMANRT TLVDNNTWNN SHIALVGKAM  120
SSNETAAYKI MRTLDVDYVL VIFGGVIGYS GDDINKFLWM VRIAEGEHPK DIRESDYFTP  180
QGEFRVDKAG SPTLLNCLMY KMSYYRFGEM QLDFRTPPGF DRTRNAEIGN KDIKFKHLEE  240
AFTSEHWLVR IYKVKAPDNR ETLDHKPRVT NIFPKQKYLS KKTTKRKRGY IKNKLVFKKG  300
KKISKKTV*                                                           309
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 270:

(A) LÄNGE: 114 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 270:

```
IPEDPHIDES KAKHQAIIMS TSLRVSPSIH GYHFDTASRK KAVGNIFENT DQESLERLFR   60
NSGDKKAEER AKIIFAIDQD VEEKTRALMA LKKRTKDKLF QFLKLRKYSI KVH*         114
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 271:

(A) LÄNGE: 101 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 271:

QMQHFAATLQ ASLLSGLQRL ERDRDWKGTR TEQTGYKDSK QFHALCCYRG EQNAFSKDLK 60
TLPSLQERID ADRRAWTDVM RTKENRWLEM TFIQGHFVRP * 101

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 272:

(A) LÄNGE: 21 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 272:

PRIPVTLNMK MVMPSCQGLD * 21

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 273:

(A) LÄNGE: 137 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 273:

CPPVKALIEH EMKNGIPANR IVLGGFSQGG ALSLYTALTC PHPLAGIVAL SCWLPLHRAF 60
PQAANGSAKD LAILQCHGEL DPMVPVRFGA LTAEKLRSVV TPARVQFKTY PGVMHSSCPQ 120
EMAAVKEFLE KLLPPV* 137

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 274:

(A) LÄNGE: 92 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH
:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 274:

MWVLKLDRNT MNVKIPPIFC SKKKNPKNKK TNKKPRMFFG ITEISQTWVF SYSLCTFFQV 60
LCFACSTDCV ILIFIDSSLA MQYPCLTHRC L* 92

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 275:

(A) LÄNGE: 76 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH
:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 275:

ETIADNALPS TEITLESPLL GSFDCLTQDV LCHSEVFIWG RSLYGDVNDS VSGLCITSHW 60
SETPVCQAWI LHCKT* 76

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 276:

(A) LÄNGE: 120 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH
:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 276:

GGKEKTKKIQ LRNRTMIQHL QKASSISLKK ATDCASAGSE KGWAAGTAAS WVTRQQSQRL 60
GVRLRTPLWP EHKRHWHCKL SVTWPSFLSS ISPNICAHPE ELSGNSRVRA GRRGERTKRE 120

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 277:

(A) LÄNGE: 113 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH
:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 277:

VAPFPIPTQE HRGGGEGRLS LSKSSYLHFR RKAETQSRLY INCLADRVTK THWSTCAFSS 60
LCPSLIQTAT CQSPATLKTH GQLPGFTKLT AFLHKVKTTT ASVCGPSATT KLS 113

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 278:

(A) LÄNGE: 86 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH
:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 278:

PYDPACLLIF SLPLPFLSLS SRSHLPGLKY FVGIAYYIIL ADEPQDNVYT HTHTYTHTKS 60
QLLKSGLGIR LLCPVKNSCT EVIVT* 86

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 279:

(A) LÄNGE: 70 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH
:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 279:

NSFKVVKKLA TTWSLSIKRK QGKQTHSLDQ KKLDQVHWNQ SVTTQVTMTS VQEFFTGHRS 60
LIPSPLFNS* 70

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 280:

(A) LÄNGE: 594 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH
:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 280:

VSEKCRIDTE ILPSLFMRCT TDLNRKDKFP AITHLKFLAR DMSEQVLLCA SSQTSSIVEC 60
WSLRKEGLPV NNIFQQISPV VGDKQPTILK WRILSATNDL DRVSAVALPK LPISLTNTDL 120
KVASDTQFYP GLGLALAFHD GSVHIVHRLS LQTMAVFYSS AAPRPVDEPA MKRPRTAGPA 180
VHLKAMQLSW TSLALVGIDS HGKLSVLRLS PSMGHPLEVG LALRHLLFLL EYCMVTGYDW 240
WDILLHVQPS MVQSLVEKLH EEYTRQTAAL QQVLSTRILA MKASLCKLSP CTVTRVCDYH 300
TKLFLIAISS TLKSLLRPHF LNTPDKSPGD RLTEICTKIT DVDIDKVMIN LKTEEFVLDM 360

```
NTLQALQQLL QWVGDFVLYL LASLPNQGSL LRPGHSFLRD GTSLGMLREL MVVIRIWGLL  420
KPSCLPVYTA TSDTQDSMSL LFRLLTKLWI CCRDEGPASE PDEALVDECC LLPSQLLIPS  480
LDWLPASDGL VSRLQPKQPL RLQFGRAPTL PGSAATLQLD GLARAPGQPK IDHLRRLHLG  540
ACPTEECKAC TRCGCVTMLK SPNRTTAVKQ WEQRWIKNCL CGGLWWRVPL SYP*        594
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 281:

(A) LÄNGE: 293 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH
:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 281:

```
LRGTRHQSPP HRQFLIQRCS HCFTAVVLLG DLSMVTQPHL VQALHSSVGQ APRCSLRRWS   60
ILGWPGALAR PSSCRVAALP GSVGARPNCR RRGCLGCRRL TRPSLAGSQS RLGISSWLGS  120
RQHSSTSASS GSLAGPSSRQ QIQSLVSRRK SRDMLSWVSE VAVYTGRQLG FRRPQMRMTT  180
INSRSMPSEV PSRRKLWPGL SREPWLGRLA SRYSTKSPTH CKSCCSACSV FMSSTNSSVL  240
RLIMTLSMST SVILVQISVS RSPGLLSGVL RKWGRSSDFR VELMAMRKSL VW*         293
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 282:

(A) LÄNGE: 173 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH
:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 282:

```
TPALRARSLR DRCARAPCPH GGQQRRRRRL NAEGAEGARG GGSSYSEMAE TVADTRRLIT   60
KPQNLNDAYG PPSNFLEIDV SNPQTVGVGR GRFTTYEIRV KTNLPIFKLK ESTVRRRYSD  120
FEWLRSELER ESKVVVPPLP GKAFLRQFLL EEMMEYLMTI LLRKENKGWS SL*          173
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 283:

(A) LÄNGE: 107 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH
:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 283:

NYLGRFQPQW FNDNKTTKHG TSNSLIKLLS HLFHRMMRFF LFTVSHQGKK NPPTSCLFFF 60
LMPGISIHCL FKRPMQKKVD KALAQELGLP VVVPGLPCWG VPKSVP* 107

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 284:

(A) LÄNGE: 105 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH
:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 284:

MGNFFFFEPG TCYVAQAGLE LLNSSDPLTS ASQIAETTGT HHCTWLKTIF LKNKSTALHL 60
YLLVSLQFKH TINDYNILFK AGRSGSWLQL EQFITSGYLR ARKIQ 105

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 285:

(A) LÄNGE: 119 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH
:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 285:

TGMGGGSGCR ELLCPCKGAE TPVELRKSDG IYRVLGKPWL CLHHGERPWA GSPPSCRSVR 60
LDADGGSDQL ASVSLRHEAA FSSGFQSHSG LPMADRVAKV RNGKCIAVYL PSPTKQIT* 119

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 286:

(A) LÄNGE: 110 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH
:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 286:

YANQSSSLRF KIKYKLLCFS THSGSIVPEP DCYFFILNII FPHLICLPLI HRHLEKEMGG 60
CLLSLSLCFV PVVRLAASVA RWAWLEPWVR QVAGGDRERL RGKWWHLLL* 110

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 287:

(A) LÄNGE: 75 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH
:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 287:

SQLLGRLRQE NHLNSGGRGC SELRSCHCTP AWATRVKLRL KKKKKEMFFI FFMLSIQALF 60
HGQQVIFHNV DFPK* 75

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 288:

(A) LÄNGE: 67 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH
:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 288:

RRGFLHVGQA GLEFLTSGDP PASATQSAGI TGISHRERPI LLFIYFLRWS LALFRDLRPL 60
QPSPLQF 67

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 289:

(A) LÄNGE: 85 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH
:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 289:

STRPRERRNR SVDECQLINV KXRHXLVCLX CFCLYXQPDX VSXEYKXWGL LPQXLFXISX 60
EKKNDRXXGX IXRXARFXST NXNX* 85

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 290:

(A) LÄNGE: 78 Aminosäuren
(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH
:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 290:

```
MSXXDTXWCV XAVFAFTXNP TVFHXNTNXG XFYPXLSSXL VKKKKMIGXX XEFXGKPXXQ   60
ALXKIXSWXX LTSLPXX*                                                  78
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 291:

(A) LÄNGE: 310 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH
:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 291:

```
RAASGRSGSS VRMSAPRSRP ASMRWCPAPR RACTTSTRWT GPPCATSTSS ARATRTGPSC   60
RSAGRARSAS YPPGDVDEIP DWVHQLVIQK LVEHRVIPEG FVNSAVINDY QPGGCIVSHV  120
DPIHIFERPI VSVSFFSDSA LCFGCKFQFK PIRVSEPVLS LPVRRGSVTV LSGYAADEIT  180
HCIRPQDIKE RRAVIILRKT RLDAPRLETK SLSSSVLPPS YASDRLSGNN RDPALKPKRS  240
HRKADPDAAH RPRILEMDKE ENRRSVLLPT HRRRGSFSSE NYWRKSYESS EDCSEAAGSP  300
ARKVKMRRH*                                                          310
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 292:

(A) LÄNGE: 192 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 292:

```
SCLPEDDDCS ALLDVLRPYA VSDFISSIST EHSHASPAHR QGKHWFRHPN RLELELAAEA   60
QRRVAKEGHG HDGALEDVDG VHVGHDAAAG LVVVDDRAVD EALGDDAVLH QLLDHQLMHP  120
VRDLVDVARR VRGAPGPARA SAAGPRTCSP RRRSTCCAGG PGPPCARCTG PSRRGTPPHR  180
CGPRSWSTHP D*                                                      192
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 293:

(A) LÄNGE: 479 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 293:

```
MGRCCFYTAG TLSLLLLVTS VTLLVARVFQ KAVDQSIEKK IVLRNGTEAF DSWEKPPLPV   60
YTQFYFFNVT NPEEILRGET PRVEEVGPYT YRELRNKANI QFGDNGTTIS AVSNKAYVFE  120
RDQSVGDPKI DLIRTLNIPV LTVIEWSQVH FLREIIEAML KAYQQKLFVT HTVDELLWGY  180
KDEILSLIHV FRPDISPYFG LFYEKNGTND GDYVFLTGED SYLNFTKIVE WNGKTSLDWW  240
ITDKCNMING TDGDSFHPLI TKDEVLYVFP SDFCRSVYIT FSDYESVQGL PAFRYKVPAE  300
ILANTSDNAG FCIPEGNCLG SGVLNVSICK NGAPIIMSFP HFYQADERFV SAIEGMHPNQ  360
EDHETFVDIN PLTGIILKAA KRFQINIYVK KLDDFVETGD IRTMVFPVMY LNESVHIDKE  420
TASRLKSMIN TTLIITNIPY IIMALGVFFG LVFTWLACKG QGSMDEGTAD ERAPLIRT*   479
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 294:

(A) LÄNGE: 267 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH
:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 294:

```
AFLPSPTVAA QAAAREHAGG HSAAKNGATG VELDIEFTSD GIPVLMHDNT VDRTTDGTGR   60
LCDLTFEQIR KLNPAANHRL RNDFPDEKIP TLREAVAECL NHNLTIFFDV KGHAHKATEA  120
LKKMYMEFPQ LYNNSVVCSF LPEVIYKMRQ TDRDVITALT HRPWSLSHTG DGKPRYDTFW  180
KHFIFVMMDI LLDWSMHNIL WYLCGISAFL MQKDFVSPAY LKKWSAKGIQ VVGWTVNTFD  240
EKSYYESHLG SSYITDSMVE DCEPHF*                                       267
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 295:

(A) LÄNGE: 166 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH
:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 295:

```
QILPAFILLF NGLKRAYACH AEHETEELGS DEDDIDEDGQ EYLEILAKQA GEDGDDEDWE   60
EDDAEETALE GYSTIIDDED NPVDEYQIFK AIFQTIQNRN PVWYQALTHG LNEEQRKQLQ  120
DIATLADQRR AAHESKMIEK HGGYKFSAPV VPSSFNFGGP APGMN*                  166
```

Patentansprüche

1. Eine Nukleinsäure-Sequenz, die ein Genprodukt oder ein Teil davon kodiert, umfassend

 a) eine Nukleinsäure-Sequenz, ausgewählt aus der Gruppe Seq. ID. No. 3, 4, 6-8, 12, 16-19, 21, 23, 24, 26-33, 35, 37, 41-44, 46, 47, 49, 51, 53, 54, 58-64 und 217-247,

 b) eine allelische Variation der unter a) genannten Nukleinsäure-Sequenzen

 oder

 c) eine Nukleinsäure-Sequenz, die komplementär zu den unter a) oder b) genannten Nukleinsäure-Sequenzen ist.

2. Eine Nukleinsäure-Sequenz gemäß einer der Sequenzen Seq. ID. No. 3, 4, 6-8, 12, 16-19, 21, 23, 24, 26-33, 35, 37, 41-44, 46, 47, 49, 51, 53, 54, 58-64 und 217-247, oder eine komplementäre oder allelische Variante davon.

3. Nukleinsäure-Sequenz Seq. ID No. 2-4, 6-10, 12-14, 16-19, 21, 23, 24, 26-33, 35-37, 39, 41-44, 46, 47, 49, 51-55, 58-64 und 217-247, dadurch gekennzeichnet, daß sie in Prostatatnormalgewebe erhöht exprimiert sind.

4. BAC, PAC und Cosmid-Klone, enthaltend funktionelle Gene und ihre chromosomale Lokalisation, entsprechend den Sequenzen Seq. ID. No. 3, 4, 6-8, 12, 16-19, 21, 23, 24, 26-33, 35, 37, 41-44, 46, 47, 49, 51, 53, 54, 58-64, 217-247, zur Verwendung als Vehikel zum Gentransfer.

5. Eine Nukleinsäure-Sequenz gemäß den Ansprüchen 1 bis 4, dadurch gekennzeichnet, daß sie eine 90% ige Homologie zu einer humanen Nukleinsäure-Sequenz aufweist.

6. Eine Nukleinsäure-Sequenz gemäß den Ansprüchen 1 bis 4, dadurch gekennzeichnet, daß sie eine 95% ige Homologie zu einer humanen Nukleinsäure-Sequenz aufweist.

7. Eine Nukleinsäure-Sequenz, umfassend einen Teil der in den Ansprüchen 1 bis 6 genannten Nukleinsäure-Sequenzen, in solch einer ausreichenden Größe, daß sie mit den Sequenzen gemäß den Ansprüchen 1 bis 6 hybridisieren.

8. Ein Nukleinsäure-Sequenz gemäß den Ansprüchen 1 bis 7, dadurch gekennzeichnet, daß die Größe des Fragments eine Länge von mindestens 50 bis 2500 bp aufweist.

9. Eine Nukleinsäure-Sequenz gemäß den Ansprüchen 1 bis 7, dadurch gekennzeichnet, daß die Größe des Fragments eine Länge von mindestens 150 bis 2000 bp aufweist.

10. Eine Nukleinsäure-Sequenz gemäß einem der Ansprüche 1 bis 9, die mindestens eine Teilsequenz eines biologisch aktiven Polypeptids kodiert.

11. Eine Expressionskassette, umfassend ein Nukleinsäure-Fragment oder eine Sequenz gemäß einem der Ansprüche 1 bis 9, zusammen mit mindestens einer Kontroll- oder regulatorischen Sequenz.

12. Eine Expressionskassette, umfassend ein Nukleinsäure-Fragment oder eine Sequenz gemäß Anspruch 11, worin die Kontroll- oder regulatorische Sequenz ein geigneter Promotor ist.

13. Eine Expressionskassette gemäß einem der Ansprüche 11 und 12, dadurch gekennzeichnet, daß die auf der Kassette befindlichen DNA-Sequenzen ein Fusionsprotein kodieren, das ein bekanntes Protein und ein biologisch aktives Polypeptid-Fragment umfaßt.

14. Verwendung der Nukleinsäure-Sequenzen gemäß den Ansprüchen 1 bis 10 zur Herstellung von Vollängen-Genen.

15. Ein DNA-Fragment, umfassend ein Gen, das aus der Verwendung gemäß Anspruch 14 erhältlich ist.

16. Wirtszelle, enthaltend als heterologen Teil ihrer exprimierbaren genetischen Information ein Nukleinsäure-Fragment gemäß einem der Ansprüche 1 bis 10.

17. Wirtszelle gemäß Anspruch 16, dadurch gekennzeichnet, daß es ein prokaryontisches oder eukaryontische Zellsystem ist.

18. Wirtszelle gemäß einem der Ansprüche 16 oder 17, dadurch gekennzeichnet, daß das prokaryontische Zellsystem E. coli und das eukaryontische Zellsystem ein tierisches, humanes oder Hefe-Zellsystem ist.

19. Ein Verfahren zur Herstellung eines Polypeptids oder eines Fragments, dadurch gekennzeichnet, daß die Wirtszellen gemäß den Ansprüchen 16 bis 18 kultiviert werden.

20. Ein Antikörper, der gegen ein Polypeptid oder ein Fragment gerichtet ist, welches von den Nukleinsäuren der Sequenzen Seq. ID. No. 3, 4, 6-8, 12, 16-19, 21, 23, 24, 26-33, 35, 37, 41-44, 46, 47, 49, 51, 53, 54, 58-64 und 217-247, das gemäß Anspruch 19 erhältlich ist.

21. Ein Antikörper gemäß Anspruch 20, dadurch gekennzeichnet, daß er monoklonal ist.

22. Ein Polypeptid gemäß Anspruch 20, dadurch gekennzeichnet, daß es aus einem Phage-Display stammt.

23. Polypeptid-Teilsequenzen, gemäß den Sequenzen Seq. ID No. 66-71, 73-75, 82, 83, 90-93, 97-105, 109, 111-114, 116-124, 128-137, 139-149, 152, 154-165, 168-173, 183-195, 214-216 und bis Seq. ID No. 248-295.

24. Polypeptid-Teilsequenzen gemäß Anspruch 22, mit mindestens 80%iger Homologie zu diesen Sequenzen.

25. Polypeptid-Teilsequenzen gemäß Anspruch 22, mit mindestens 90%iger Homologie zu diesen Sequenzen.

26. Verwendung der Polypeptid-Teilsequenzen gemäß den Sequenzen Seq. ID No. 66-71, 73-75, 82, 83, 90-93, 97-105, 109, 111-114, 116-124, 128-137, 139-149, 152, 154-165, 168-173, 183-195, 214-216 und bis Seq. ID No. 248-295, als Tools zum Auffinden von Wirkstoffen gegen Prostata-Krebs.

27. Verwendung der Nukleinsäure-Sequenzen gemäß den Sequenzen Seq. ID. No. 3, 4, 6-8, 12, 16-19, 21, 23, 24, 26-33, 35, 37, 41-44, 46, 47, 49, 51, 53, 54, 58-64 und 217-247 zur Expression von Polypeptiden, die als Tools zum Auffinden von Wirkstoffen gegen Prostata-Krebs verwendet werden können.

28. Verwendung der Nukleinsäure-Sequenzen Seq. ID. No. 3, 4, 6-8, 12, 16-19, 21, 23, 24, 26-33, 35, 37, 41-44, 46, 47, 49, 51, 53, 54, 58-64 und 217-247 in sense oder antisense Form.

29. Verwendung der Polypeptid-Teilsequenzen Seq. ID No. 66-71, 73-75, 82, 83, 90-93, 97-105, 109, 111-114, 116-124, 128-137, 139-149, 152, 154-165, 168-173, 183-195, 214-216 und bis Seq. ID No. 248-295 als Arzneimittel in der Gentherapie zur Behandlung des Prostata-Krebses.

30. Verwendung der Polypeptid-Teilsequenzen Seq. ID No. 66-71, 73-75, 82, 83, 90-93, 97-105, 109, 111-114, 116-124, 128-137, 139-149, 152, 154-165, 168-173, 183-195, 214-216 und bis Seq. ID No. 248-295, zur Herstellung eines Arzneimittels zur Behandlung des Prostata-Krebses.

31. Arzneimittel, enthaltend mindestens eine Polypeptid-Teilsequenz Seq. ID No. 66-71, 73-75, 82, 83, 90-93, 97-105, 109, 111-114, 116-124, 128-137, 139-149, 152, 154-165, 168-173, 183-195, 214-216 und bis Seq. ID No. 248-295.

32. Eine Nukleinsäure-Sequenz gemäß den Ansprüchen 1 bis 10, dadurch gekennzeichnet, daß es eine genomische Sequenz ist.

33. Eine Nukleinsäure-Sequenz gemäß den Ansprüchen 1 bis 10, dadurch gekennzeichnet, daß es eine mRNA-Sequenz ist.

34. Genomische Gene, ihre Promotoren, Enhancer, Silencer, Exonstruktur, Intronstruktur und deren Spleißvarianten, erhältlich aus den cDNAs der

Sequenzen Seq. ID. No. 3, 4, 6-8, 12, 16-19, 21, 23, 24, 26-33, 35, 37, 41-44, 46, 47, 49, 51, 53, 54, 58-64 und 217-247.

35. Verwendung der genomischen Gene gemäß Anspruch 33, zusammen mit geeigneten regulativen Elementen.

36. Verwendung gemäß Anspruch 34, dadurch gekennzeichnet, daß das regulative Element ein geeigneter Promotor und/ oder Enhancer ist.

37. Eine Nukleinsäure-Sequenz gemäß den Ansprüchen 1 bis 7, dadurch gekennzeichnet, daß die Größe des Fragments eine Länge von mindestens 400 bis 1900 bp aufweist.

Systematische Gen-Suche in der Incyte LifeSeq Datenbank

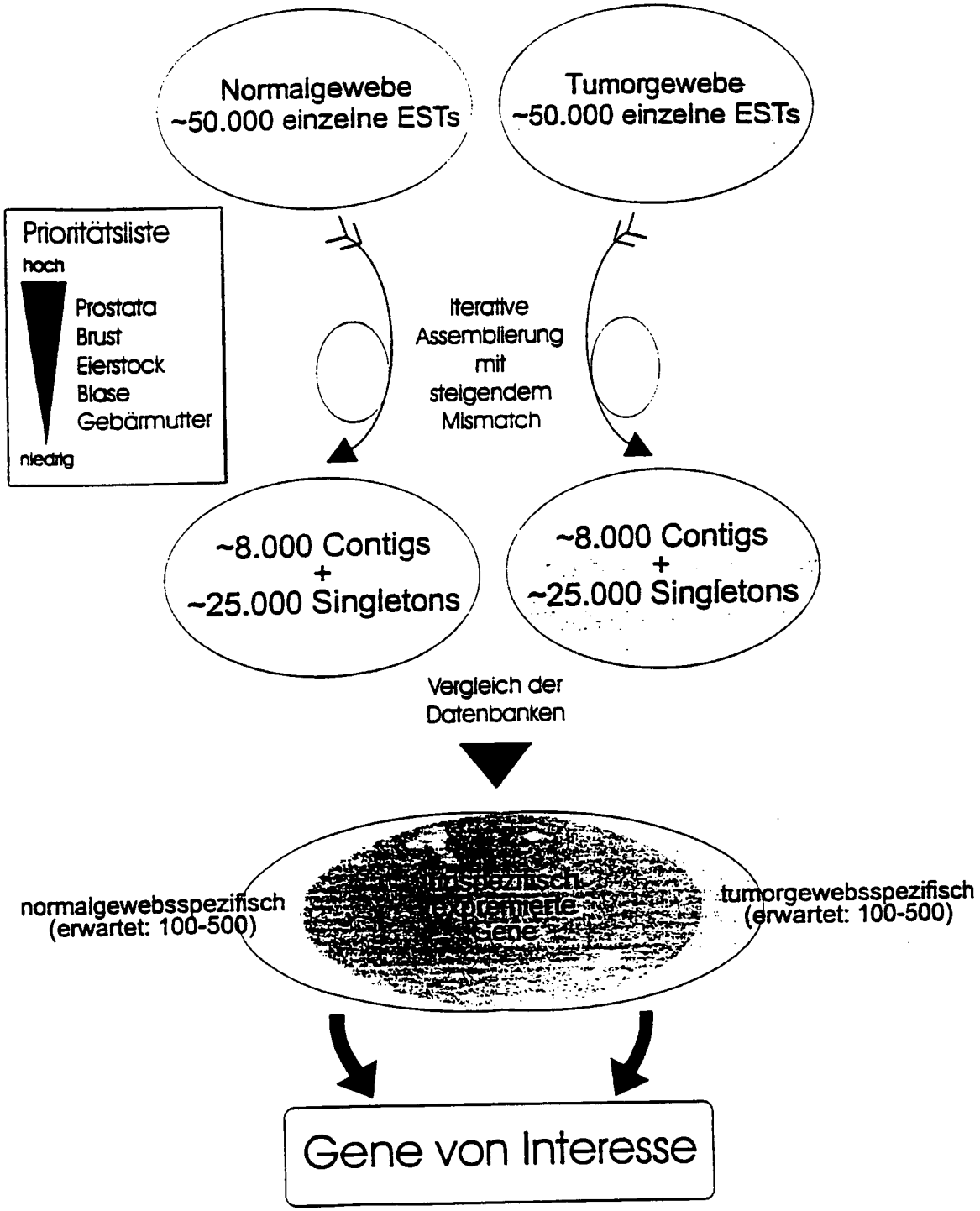


Fig. 1

Prinzip der EST-Assemblierung

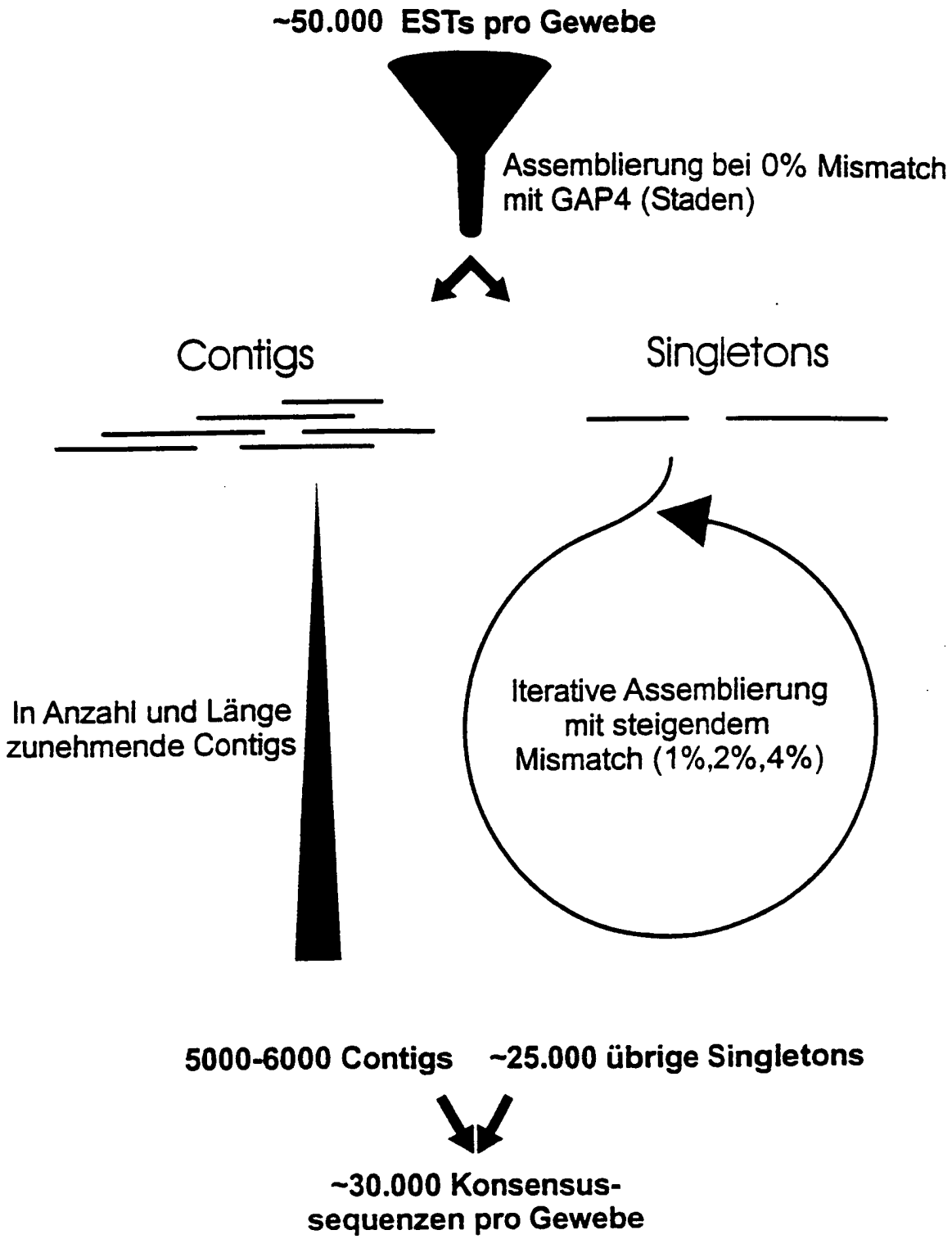


Fig. 2a

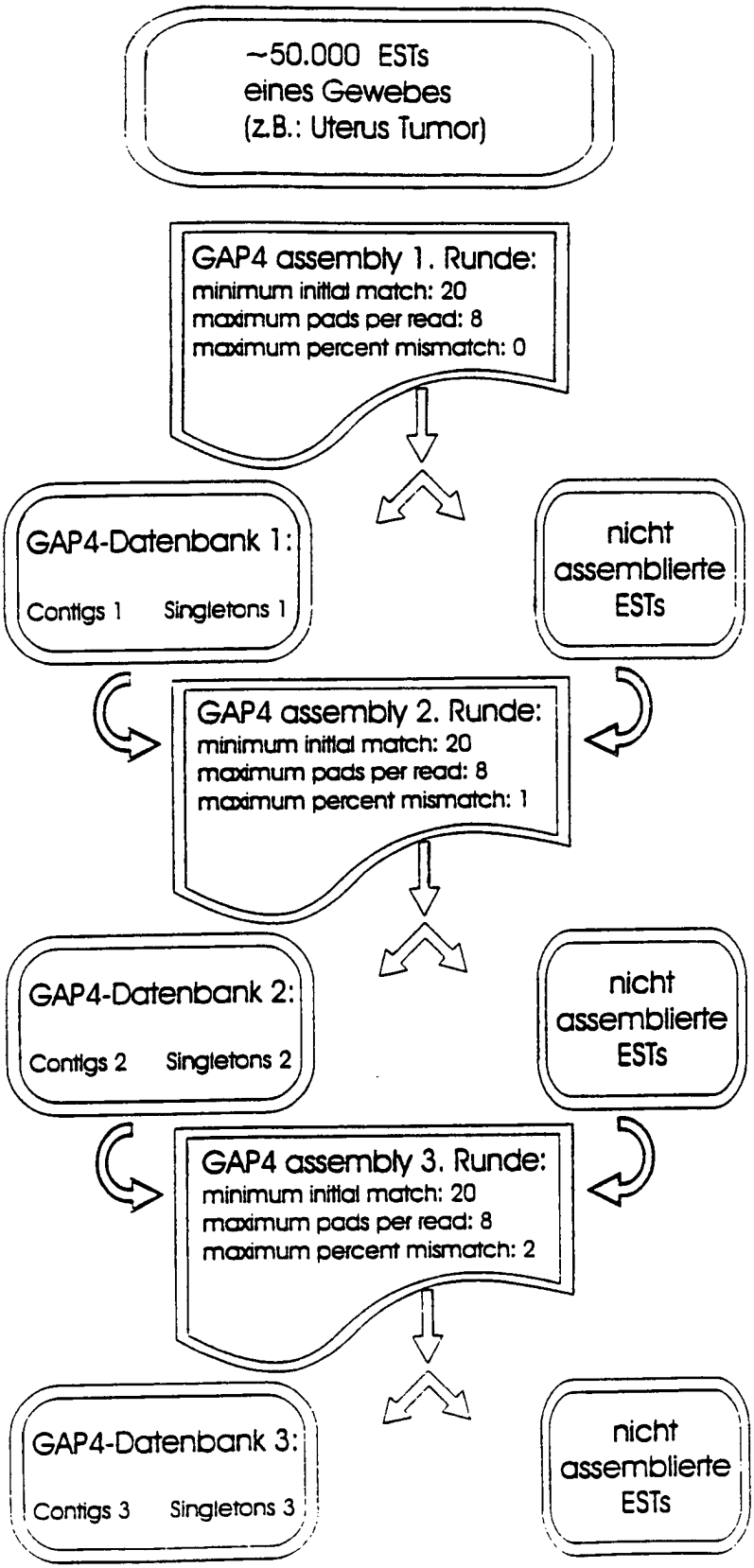

~50.000 ESTs
eines Gewebes
(z.B.: Uterus Tumor)
GAP4 assembly 1. Runde:
minimum initial match: 20
maximum pads per read: 8
maximum percent mismatch: 0
GAP4-Datenbank 1:
Contigs 1 Singletons 1
nicht assemblierte ESTs
GAP4 assembly 2. Runde:
minimum initial match: 20
maximum pads per read: 8
maximum percent mismatch: 1
GAP4-Datenbank 2:
Contigs 2 Singletons 2
nicht assemblierte ESTs
GAP4 assembly 3. Runde:
minimum initial match: 20
maximum pads per read: 8
maximum percent mismatch: 2
GAP4-Datenbank 3:
Contigs 3 Singletons 3
nicht assemblierte ESTs

Fig. 2b1

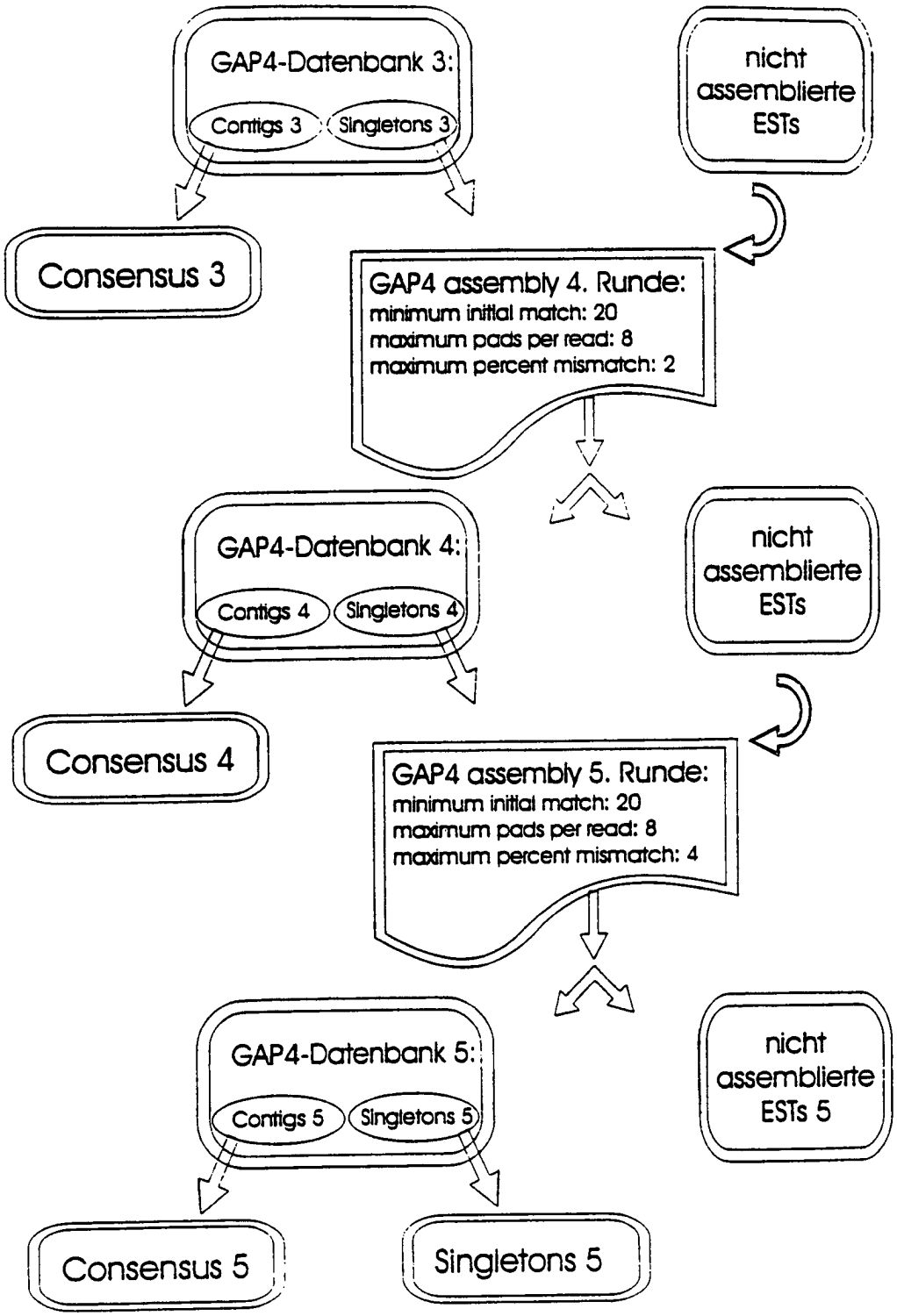

GAP4-Datenbank 3:
Contigs 3
Singletons 3
nicht assemblierte ESTs
Consensus 3
GAP4 assembly 4. Runde:
minimum initial match: 20
maximum pads per read: 8
maximum percent mismatch: 2
GAP4-Datenbank 4:
Contigs 4
Singletons 4
nicht assemblierte ESTs
Consensus 4
GAP4 assembly 5. Runde:
minimum initial match: 20
maximum pads per read: 8
maximum percent mismatch: 4
GAP4-Datenbank 5:
Contigs 5
Singletons 5
nicht assemblierte ESTs 5
Consensus 5
Singletons 5

Fig. 2b2

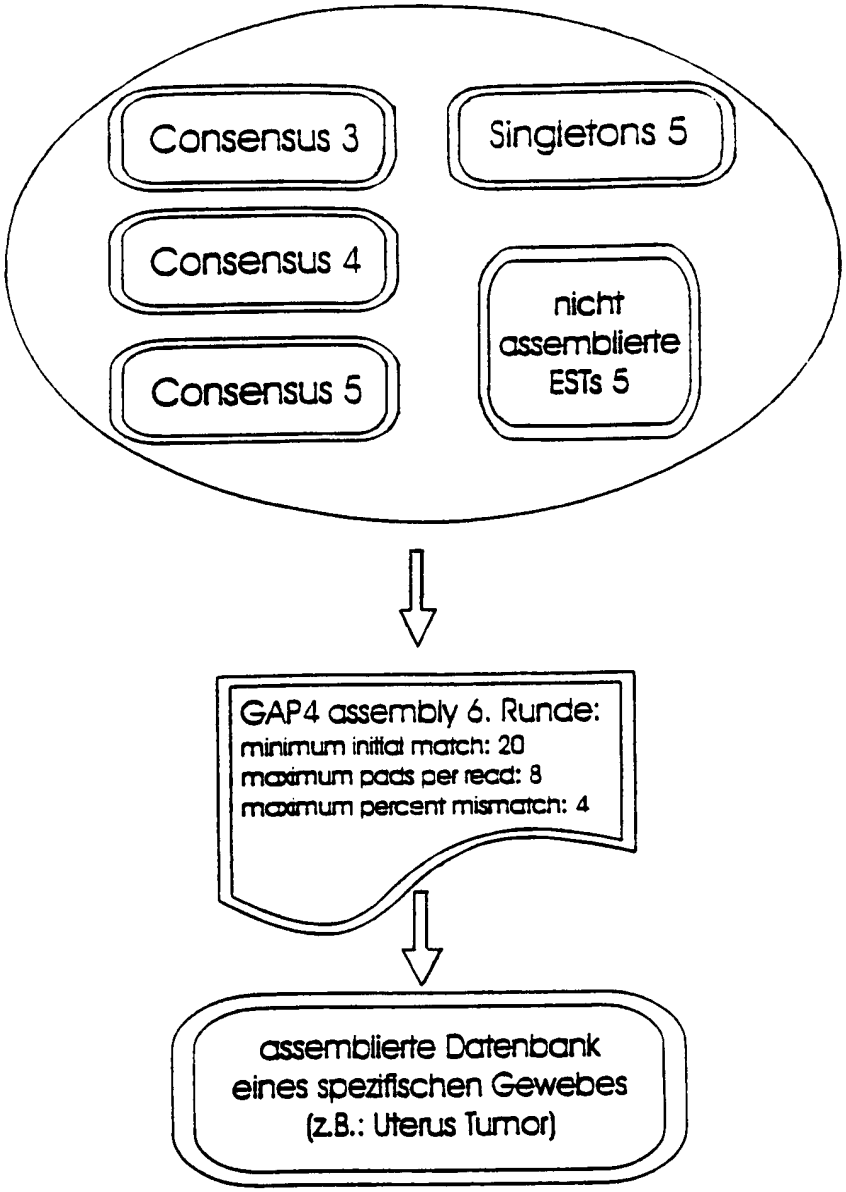

Consensus 3
Singletons 5
Consensus 4
nicht assemblierte ESTs 5
Consensus 5
GAP4 assembly 6. Runde:
minimum initial match: 20
maximum pads per read: 8
maximum percent mismatch: 4
assemblierte Datenbank eines spezifischen Gewebes (z.B.: Uterus Tumor)

Fig. 2b3

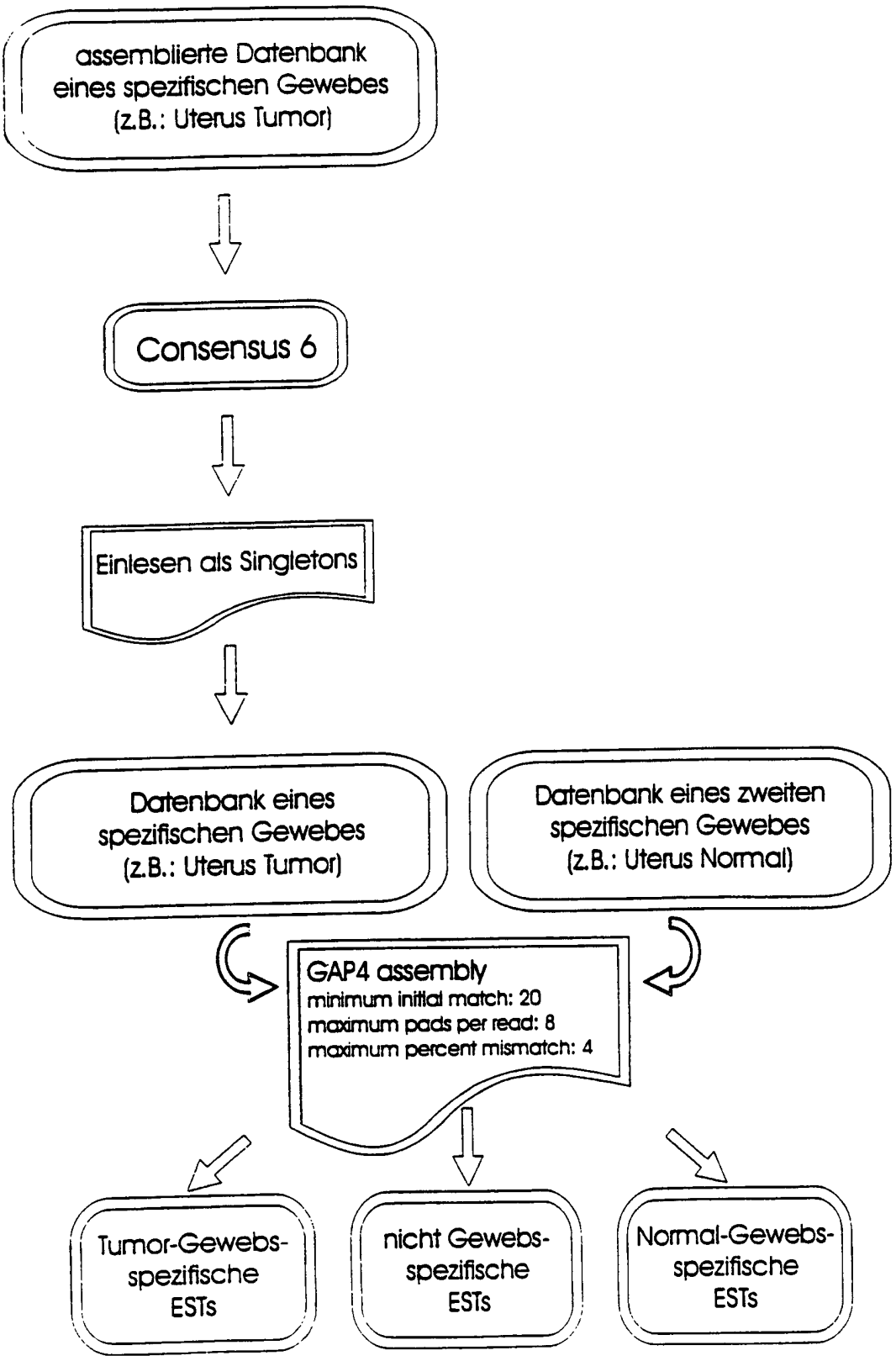

assemblierte Datenbank eines spezifischen Gewebes (z.B.: Uterus Tumor)
Consensus 6
Einlesen als Singletons
Datenbank eines spezifischen Gewebes (z.B.: Uterus Tumor)
Datenbank eines zweiten spezifischen Gewebes (z.B.: Uterus Normal)
GAP4 assembly
minimum initial match: 20
maximum pads per read: 8
maximum percent mismatch: 4
Tumor-Gewebs-spezifische ESTs
nicht Gewebs-spezifische ESTs
Normal-Gewebs-spezifische ESTs

Fig. 2b4

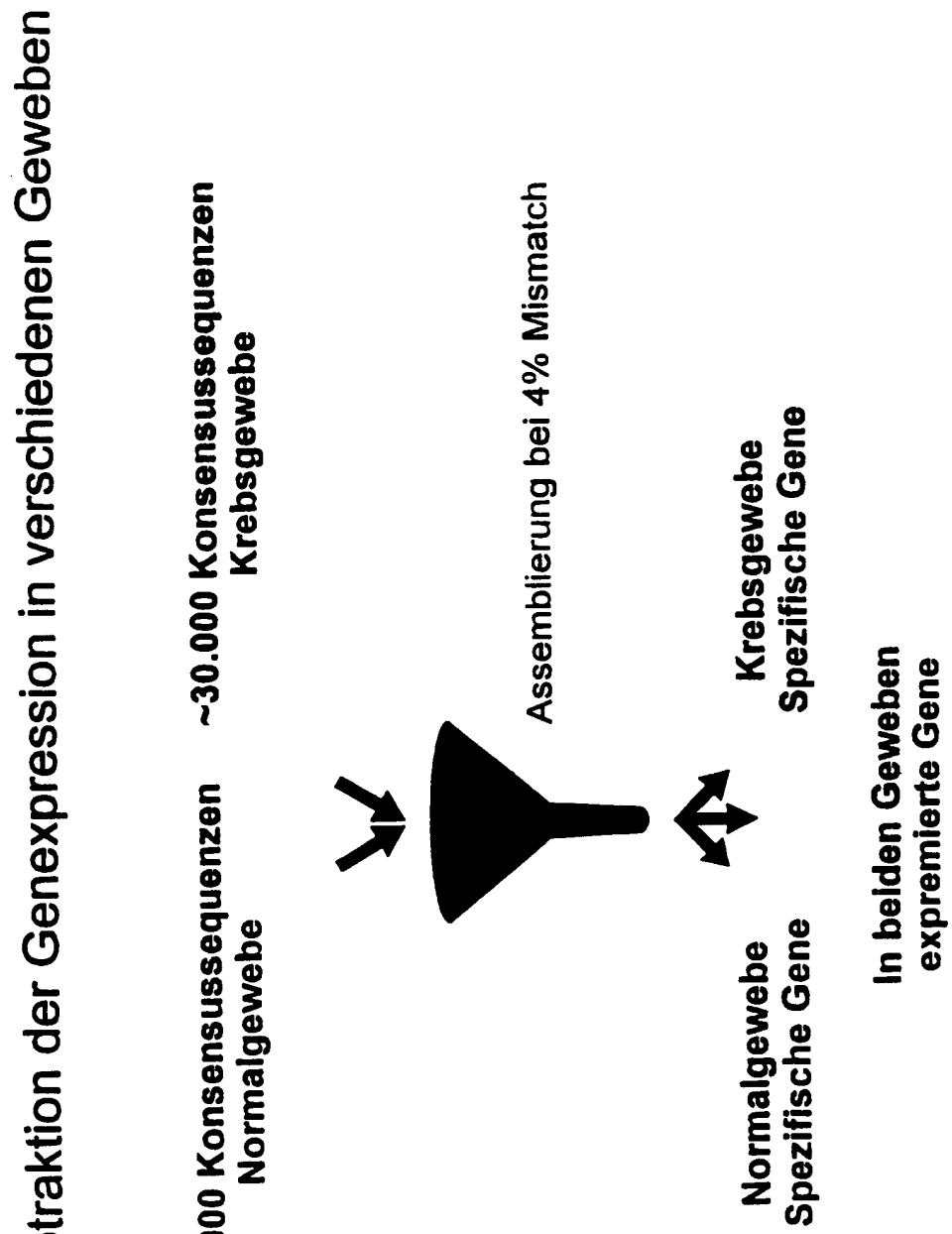
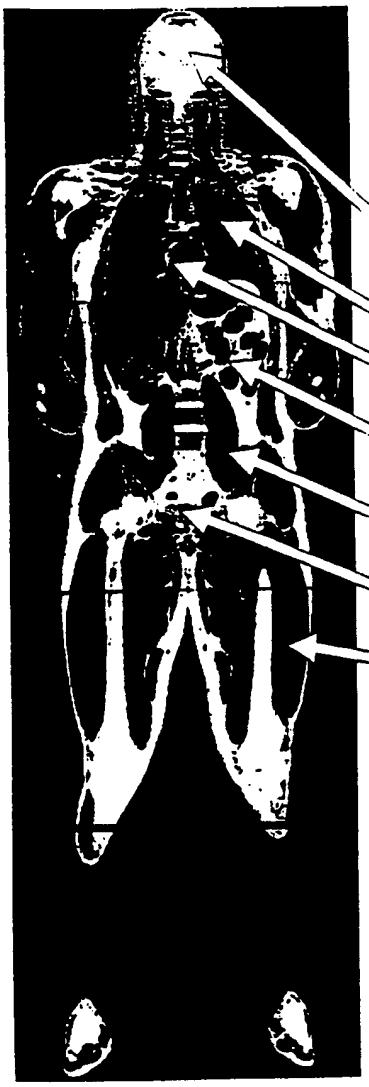

In silico Subtraktion der Genexpression in verschiedenen Geweben
~30.000 Konsensussequenzen
Normalgewebe
~30.000 Konsensussequenzen
Krebsgewebe
Assemblierung bei 4% Mismatch
Normalgewebe
Spezifische Gene
Krebsgewebe
Spezifische Gene
In belden Geweben
expremierte Gene

Fig. 3



Gene von Interesse

Bestimmung der gewebsspezifischen Expression über elektronischen Northern (INCYTE LifeSeq und öffentliche EST Datenbanken)

Kandidatengene für Tumorsuppressoren oder Tumoraktivatoren

Fig. 4a

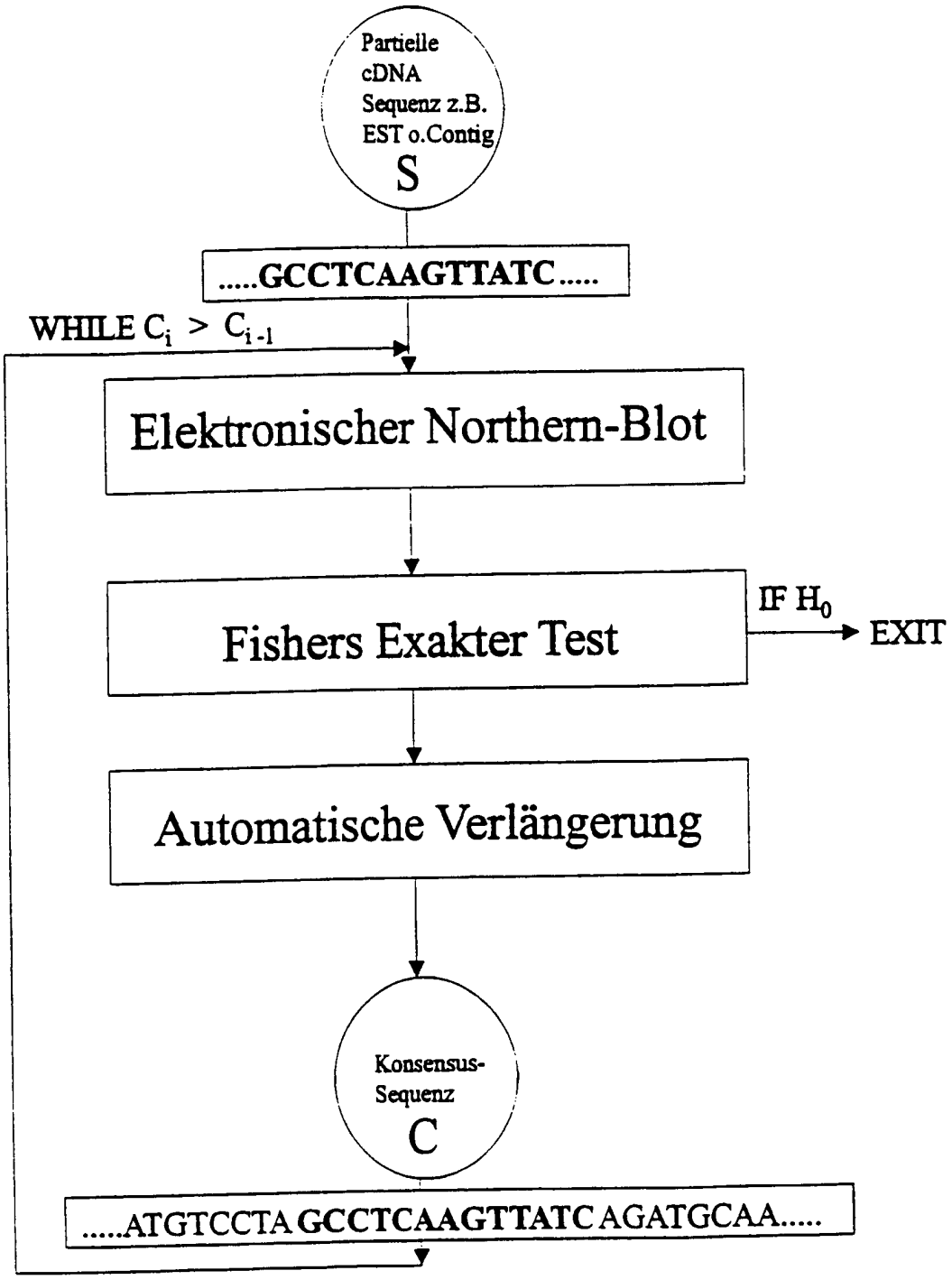

Partielle
cDNA
Sequenz z.B.
EST o.Contig
S
.....GCCTCAAGTTATC.....
WHILE $C_i > C_{i-1}$
Elektronischer Northern-Blot
Fishers Exakter Test
IF H_0
EXIT
Automatische Verlängerung
Konsensus-
Sequenz
C
.....ATGTCCTA GCCTCAAGTTATC AGATGCAA.....

Fig. 4b